

**Справка**  
**за научните приноси**  
**на д-р Георги Александров Радославов,**

Доцент в Секция „Биоразнообразие и екология на паразитите”,  
Институт по биоразнообразие и екосистемни изследвания – БАН

(във връзка с участието в конкурс за професор, професионално направление 4.3.  
«Биологически науки», научна специалност “Зоология”, септември 2020 г.)

(Пояснение: в скоби са указани номерата на публикациите, в които са отразени съответните приноси; с **bold** са отбелязани номерата на публикациите след хабилитацията)

Научната ми изследвания през последните двадесет години бяха насочени основно в прилагане на различни биохимични и молекулярни методи при изучаването на разнообразни групи организми.

През условно разделения **първи период (преди хабилитирането ми)**, усилията ми бяха насочени основно в изучаване на специфични за паразитните хелминти протеини на структурно, функционално и секвенционно ниво. Някои от тези протеини бяха новооткрити представители на нови, специфични за нематодите групи протеинови семейства, като Ts-PCHTP (*Trichinella spiralis*, Nematoda), Ag-Ibp55 (*Ascaridia gali*, Nematoda), както и допълнителни изследвания към протеините от семейството на Нематодните Полипротеинови Алергени (NPA) - Ag-NPA (*Ascaridia gali*, Nematoda). Тази група изследвания бяха насочени главно към установяване на специфичния за хелминтите метаболизъм и използването му за контрол при терапия и диагностика на паразитози. За съжаление, въпреки постигнатите успешни резултати в лабораторията по „Биохимия на паразитите“ и успешната ни колаборация с други лаборатории от чужбина, дейността по тази проблематика беше постепенно преустановена, основно поради липса на проектно финансиране.

От друга страна изучаването на тези нови протеини и техните гени, провокира интереса ми към **последващите ми изследвания** свързани с филогения, еволюция, археозоология и популационната динамика, не само при паразити, но и при други групи животни. Не на последно място този интерес беше усилен от публикуването на първите популационно-генетични изследвания за българите преди около десет години на колеги от

Медицинска Академия. Ахеозоологични, както и популационно генетични изследвания в този период не бяха провеждани в България или имаше само оскъдни данни публикувани от чуждестранни авторски колективи. Затова решихме да насочим усилията си в създаване на лаборатория за провеждане на такъв тип изследвания, които да запълнят това „бяло петно“ в българската наука. Проведените и публикуваните пилотни изследвания по тези тематики (22,24,27,30,32), бяха използвани за преоринтиране досегашната лаборатория в нова изследователска група към ИБЕИ-БАН, наименована „Молекулярно-еволюционни изследвания“.

Първоначалните ни изследвания се съсредоточиха в изследване на домашни животни и техните диви предшественици. Съвременните представи за одомашняването и разселването на тези животни се основава на хипотезата (изразена главно от западно европейски автори), за няколко центрове на одомашняване в най-ранните цивилизационни центрове (Близкия изток - „Плодородния полумесец“, Анатолия и Средна Азия- Индия, Китай) през периода на ранния неолит. Сравнителният генетичен анализ с дивите предшественици на домашните животни в Западна и Централна Европа показват големи различия в генофонда на изследваните животни. Този факт подкрепя хипотезите за различни миграционни процеси и пътища, със разпространението на първите земеделци и скотовъдци, които навлизат в Европа от Мала Азия.

В тази връзка Балканският полуостров, разположен на кръстопът на Европа и Азия, е коментиран основно с ролята на „коридор“ (Дунавски и Средиземноморски) на разселване на първите земеделци и скотовъдци, но много оскъдно като основен и независим цивилизационен център през Енеолита (Ранен Неолит и Бронзова ера). Изборът на географски разнообразна извадка от археозоологични находища от България, заемаща централно положение на Балканите, позволи да се оцени на хипотезата, предлагаща няколко района на навлизане на земеделските и скотовъдските общности, мигриращи от Близкия изток към Европа. От друга страна, сравнението на генетичното разнообразие на праисторическите животни (диви и опитомени) с тези на местните съвременни, позволява да се определи значението на миграциите, хибридиизирането, а също и **самостоятелните форми на одомашняване** при формирането на генофонда на съвременните европейски домашни животни през различни исторически периоди.

Въпреки важноста на Балканския полуостров в историко-географски аспект, информация за подобен тип изследвания за този регион на Европа беше изключително оскъдна или тенденциозно коментирана, като незначителна.

Като свой **хабилитационен труд** във връзка с кандидатурата ми за професор по зоология избрах да представя разработки върху еволюционната история на някои видове домашни животни, в които имам водеща роля като член на авторския колектив. Те хвърлят светлина върху произхода и историята на важни видове домашни животни - говедото и кучето. Считаю, че при тези изследвания са плод на иновативен подход, комбиниращ изучаването на археологични материали и съвременни местни породи. Статиите по тях вече са намерили отзвук в международната научна общност над 30 пъти. Те нареждат нашата страна, като една от европейските територии, за които историята на проучване на произхода и развитието на домашните животни е относително добре познато.

**1. Като първи принос ще представя изследванията върху изчезналия див предшественик на днешните говеда - *Bos primigenius* (Artiodactyla) – Тур. (част от публикациите, обозначени като хабилитационен труд)**

Видът е бил разпространен в цяла Евразия и Северна Африка. Най-късните сведения за съществуване на последните турове са от периода на средновековието (16-ти – 17-ти век), включително и за територията на България. Морфологично вида се различава от одомашнената му форма *Bos taurus*/*Bos indicus* само по по-големите размери на тялото (до около 2 метра при холката), интерполирано от размерите на костните останки. Поради тази причина генетичните изследвания провеждани през последните 20 години разкриха много нови данни за този вид. Досегашните проучвания, главно върху митохондриална ДНК показваха няколко териториално и генетично разделени митохондрални типове. Част от тях се срещат само при тура, докато други са споделени с одомашнената му форма – говедото. Като пример, специфичните само за тура от Западна и Централна Европа, са митохондрални хаплотипи, които се клъстерират в група наречена – група Р (от

*primigenius*). Споделените митотипи за одомашнените и диви животни от Близкия Изток, Централна Азия и Северна Африка са митохондралните хаплотипове от макрогрупа Т – (от *taurus*). За туровете от Южна Азия все още няма генетични изследвания, но се предполага, че те спадат към митохондралните типове на гърбатите говеда от подвид *indicus* (група I). До нашето изследване, както и досега, няма изследвания на европейския Тур от Източна Европа, Балканите и Анатолия.

В колаборация с Националния природонаучен музей, БАН – (Проф. Николай Спасов) проведохме първите генетични изследвания на митохондриална ДНК от тур, изолирана от археозологичен костен материал, зъби и рога (18). Изследвани бяха 8 екземпляра от територията на България, обхващащи периода Ранен Неолит (8 000 г.) до Средновековие 9-ти век. Резултатите получени след секвениране на частичен регион от т.нар. хипервариабилен регион на мтДНК (D-loop) показаха, че нашите турове се характеризират от тауриновите митохондриални групи Т3, както и Т-подобна група хаплотипи (Т6). Сравнителният анализ на митохондриални типове Т6 показват, че те са намерени само Балканските популации както при тура, така и при местните балканско-специфични късороги говеда. Резултатът от това изследване показва, че тауриноподобни турове са живели в Югоизточна Европа и най-вероятно са участвали в одомашняването на говедото преди 8000 години.

**2. Свързани приноси с изучаването на тура бяха и молекулярно-генетичните изследвания за говедото - *Bos taurus* (Artiodactyla). Те са разгледани от две страни - първоначални процеси на одомашняване и разпространение на говедото (археозоологични) и произход и специфичност на съвременни местни породи говеда в България. (част от публикациите, обозначени като хабилитационен труд)**

**2.1 Приноси в изучаването на археозологията на домашното говедо - *Bos taurus*.**

От археологична гледна точка одомашняването на говедото е един от ключов етап в развитието на човешките общества през Късния Неолит и Халколит (Енеолит). През този етап на развитие на обществата от земеделци и скотовъдци, освен развитието на

материалознанието (керамобработка и металообработка) за първи път започват да използват животинската сила на одомашнените турове за обработка на земята и транспорт. Постепенно тези цивилизационно по-развити общества мигрират и заменят постепенно старите общества на ловци-събирачи. За територията на Балканите и за първи в Европа, този процес започва преди 8 000 години поради граничната си връзка с по-старите общества от Анатолия. В момента сред научната общност съществуват две хипотези относно произхода на говедото. Най-застъпената е, че вида е одомашнен само в един регион (Плодородния полумесец преди около 10 000 години) и постепенно разселван към Европа, Северна Африка и Централна Азия, поради ниското генетично разнообразие на съвременните популации на говедото. Друга гледна точка е, че в допълнение на предната хипотеза е имало още няколко процеси на локално одомашняване от местните турове.

Поради тази причина проведохме такива изследвания в сътрудничество с НПМ-БАН на археозоологичен материал от говеда от този период (**16, 18, 27**). Морфологично те се характеризират с двойно по-малки размери на изследвания костен материал (около 1 метър при холката и по-малки размери на рогата). Тази тенденция, към намален размер на одомашнените животни продължава до Средновековието и е ясен критерий за разграничаване на домашните от дивите форми.

Определянето на генетичния профил на тези ранни говеда, представлява съществен принос в изясняване, както на вида, така и в изясняването на историческите и културни процеси. Изследваните от нас археозоологични проби от няколко региона и исторически периоди на България показва наличие на най-разпространената митохондиална група Т3, както и необичайно висока честота на балканско специфичната група Т6 – характерна за българския тур и късорогите балкански говеда. Тези резултати предполагат независим процес на одомашняване в Югоизточна Европа. Направеният сравнителен анализ с наличните генетични данни покрепят хипотезата за локално одомашняване, не само на Балканите, но впоследствие и в други региони на Южна Европа. Тези резултати не изключват процесите на генетичен обмен в по-късни исторически периоди.

## **2.2 Приноси в изучаването на местните породи говеда в България.**

Тези изследвания бяха проведени първоначално, но следват логически резултатите от първите два приноса. Понастоящем в България са запазени две групи местни говеда. Едните спадат към групата на Балканските късороги (брахицерни) говеда известни в научната литература повече с името „Буша“, а у нас като Късорого родопско говедо. Тези животни се характеризират с много дребен ръст и поради тази причина се смятат за най-близки до древните форми. Втората група местни говеда спада към групата на дългорогите (сиви) говеда. Тя е разпространена основно в Източна Европа и Италия. Като регион на произход се смята географската област „Подolie“ (югозападната част на Украйна) и в последствие разселени през Ранното Средновековие. Тези две групи в близкото минало на България са били най-разпространените животни отглеждани в България. В момента те са застрашени от изчезване поради изместването им от продуктивни породи животни.

Проведените за първи път в България изследвания върху тези две групи животни чрез генотипиране по митохондралния D-loop регион, показаха специфичен генетичен профил (22, 24, 27). Очаквано, резултатите от тези изследвания показаха преобладаване на европейско специфичния T3 митохондрален тип и при двете групи. Освен този основен хаплотип, бяха установени и няколко регионално специфични за Балканите T3 хаплотипа. Получените данни от тези групи могат да се използват като генетичен маркер за географското разпространение и принадлежност.

Друга интересна находка в изследваните животни е присъствието на други две митохондрални групи – T1 (Северно Африканска и Иберия) и T2 (Малоазиатска). Група T1 се среща само при късорогите говеда, което предполага генетичен дрейф от южна и/или западна посока вероятно през Античността. Малоазиатската T2 група беше установена само при Българските сиви говеда. Това е показател за генетичен обмен с малоазийски породи и по късен произход, но по всяка вероятност отново през Античността или Средновековието.

Не на последно място т.нар. балкански T6 митохондриален тип беше открит при късорогите говеда, макар и с по ниска честота. Този хаплотип е описан и в други балкански страни – Сърбия и Хърватия, но отново само при този тип говеда. Този факт красноречиво говори за прякото генетично наследство между балканските древни говеда, туровете и доживелите до днес животни (24).

Резултатите от изследването на Балканските и други породи Сиви говеда показаха разнороден генетичен профил. Този факт, както и други типове генетични изследвания предполага различно и независимо създаване на породите от тази група, а не както се предполагаше от региона на Подолието.

В тази група изследвания, но свързани с генетичното разнообразие при говедото сме изучавали и алелното разнообразие на гени свързани с количеството и качествата на млякото (28, 30, 32). Изследваните алелни форми на гените - капа-казеин (CSN3) и алфа-S1 казеин (CSN1S1) показват много по-високо алелно разнообразие при местните породи говеда, в сравнение с други местни породи говеда в Европа.

### **3. Приноси в изучаването на филогенията и генетичното разнообразие на кучето (*Canis lupus familiaris*) по нашите земи и сравнение с известните данни за света. По темата сме публикували 2 изследвания – 8, 12. (част от публикациите, обозначени като хабилитационен труд)**

Подобно на изследванията за произхода и разпространението на говедото познанията за произхода този вид все още е нееднозначно дебатирано в световната научна общност. Предложени са две хипотези за одомашняването на вида. Първата хипотеза е че кучето е одомашнено само в един център в региона на Югоизточна Азия през Ранния Неолит (15 000 – 10 000 г.) и постепенното му радиално разпространение по света. Втората хипотеза е за няколко независими регионални центрове на одомашняване в Европа и Азия от местни единични индивиди на **сивия вълк (*Canis lupus lupus*)** и постепенно разселване на генетично различни форми на кучета. При тази хипотеза, по-високо генетично разнообразие при кучетата би трябвало да се наблюдава в гранични цивилизационни центрове, а най-високо в по-развитите човешки култури за съответния исторически момент.

#### **3.1. Археозоологични генетични проучвания на кучето по нашите земи.**

В съвместна колаборация с НППМ-БАН, бяха изследвани за първи път няколко костни останки на кучета, открити при археологични изследвания. Изследването обхваща

периода - Късен Неолит (8 000 г.) до Античност (1-3-ти век от н.е.). Извадката обхващаше три морфоложно различни типа форми – дребни (*f. palustris*), едри (*f. intermedius*) и балканско-специфичната форма власац с по-къси челюсти (*f. vlasac*). Като генетичен маркер беше изследван D-loop региона на мтДНК, най-често използван при този тип изследвания.

Резултатите от генетичните изследвания показаха генетичен профил подобен на този при съвременните кучета - високи честоти на макрохаплогрупа А, както и следващата по разпространение хаплогрупа от тип В. Интересен факт е, че не бяха открити хаплотипове от други разпространени в Европа митохондриални групи, като С и D през Неолита. Този факт, макар и странен, е в корелация с изследвания за този период за региона на Европа и допълва познанията ни за произхода и разпространението на кучетата в Европа. През историческия период - края на Последната ледниковата епоха до Античността, популациите на европейските кучета са сравнително ясно отдиферинцирани генетично. Специфично за Западна, Централна и Северна Европа е разпространението на митохондриална група - С, докато за популацията в Източна Европа (северно от р. Дунав) е митохондриална група тип D. За региона на Средизомноморието (Южна Европа) бяха известни данни за доминиране на митохондриален тип А (Иберийски п-ов), но и припокриване на популациите със Западно Европейския митохондриален тип С. Нашето изследване показва, че **в древността кучетата с митотип А са били доминантни в Южна Европа** и постепенно разпространени на север в по-късно историческо време, най-вероятно поради ускорените процеси на породообразуване в Средиземноморския регион.

Високата честота на митохондриален тип В при древните Балкански кучета е също така в подкрепа на няколко международни генетични изследвания за сивия вълк през последните 20 години. Те отбелязваха, като значим и интересен факт, че при европейската популация на сивия вълк, хаплотип В се среща с необичайно висока честота. Този факт дори и при липса на данни за древността, е отбелязван като възможност Балканите да са център на одомашняване на кучето.

### **3.2. Генетични изследвания на съвременни местни породи кучета в България (12).**



В допълнение към предходните изследвания бяха проведени първи сравнителни генетични изследвания на митохондриалното разнообразие при български местни породи кучета. Те включват кучетата от планинската овчарска порода (Каракачанско – име неправилно използвано според мен) и ловни породи Барак и Лудогорско (двуцветно) гонче. Резултатите от тези изследвания показват от една страна високо генетично разнообразие и при двата типа породи, а от друга висока специфичност на представените генотипове. Това показва различен тип произход и формиране на тези породи.

Като порода с най-древен местен произход според генетичните данни определяме планинската овчарска порода. Тя се характеризира с многообразие и доминиране на европейско специфичните митохондриални групи А и В, както и присъствие на група D. Този генетичен профил е характерен за всички генетично изследвани проби от тази група кучета в Средиземноморието – при Испанските и Италианските планински овчарски кучета. Има вероятност формирането на породата да е повлияно в древността (Античност/ Средновековие) от частично смесване с овчарски кучета от Близкия Изток (Иран) или Източна Европа (Румъния/Украйна), защото при тях митохондриалната група D е характерно доминираща в древността.

Установеният генетичният профил при ловните породи Барак и Лудогорско гонче се отличава с присъствието на характерната за Западна Европа митохондриална група С (~ 30%). Липсата на други исторически факти за тази група предполага по-късно формиране, вероятно, чрез кръстосване на местни и други европейски ловни породи.

#### **4. Приноси в изучаването на коня (*Equus ferus*) в България.**

Друга основна група изследвания, които проведохме за първи път са генетични изследвания върху конете на България. За разлика от предходните видове, конете са одомашнени в по-късен период в края на Бронзова и начало на Желязната епоха преди около 5 000г. Макар, че за общоприето се счита, че първото одомашняване на коня е започнало в степите на Средна Азия, процесите на одомашняване в различни региони на Европа и Средна Азия и Близкия Изток протичат много бързо от местните диви коне, съпроводено с тяхното изчезване. Поради това считам, че за този вид по-правилния термин е опитомяване. Много трудно е и разграничаването на диви и опитомени коне от този

исторически период. Показателен белег за различаване е например само изтриването на зъбите от употребата на юзда. Генетичните изследвания при конете основно са насочени към изследване на майчината митохондриална наследственост и в частност генетичния маркер на D-loop региона. Установените множество митохондриални групи са с характерен регионален тип на разпространение и според честота им се разграничават на: Европейски (Западно), Средно Азиатски и Близкоизточни. За Балканите, както и за Източна Европа такива изследвания до този момент не са провеждани с изключение на нашите.

#### **4.1 Принос в изследването на неолитни археозологични находки на диви коне (33, 35).**

Тези изследвания по-скоро трябва да се приемат, като първоначални и недостатъчни. Няколко костни проби от различни Неолитни селища в България бяха генотипирани. Резултатите показва необичайно наличие на две митохондриални групи – G и Q. Тези митохондриални групи са определяни като типични за Средна Азия. Интересен факт е, че те са характерни и за съвременните местни равнинни коне.

#### **4.2 Приноси при изследване на съвременни местни породи коне от България (6, 17, 33).**

За българските местни породи коне са публикувани сравнително малко данни. Основни морфологични изследвания са проведени в началото на миналия век. Те са видимо разграничавани в две групи: планински породи (Среднопланински, Рило-Родопски и Родопски (Каракачански)) и равнинни породи (Камчийски и Лудогорски/Делиормански). Последните две породи са използвани във формирането на три новосъздадени породи (Дунавски, Плевенски и Източно-българска) и са отглеждани за държавни и военни нужди в няколко конезавода.

Генетичните изследванията върху трите планински породи коне (Старопланински, Рило-Родопски и Родопски (Каракачански)) показва високо генетично ранообразие от различни митохондриални групи, както и различия между тях. Така например за Каракачанските и Старопланинските коне е характерно високата честота, 2 до 3 пъти по

висока на европейските хаплогрупи M и D. Рило-Родопските коне имат по-скоро типичен Азиатски генетичен профил с преобладаване на митохондриални специфични групи –A, G, Q, O-P и C.

Генетичните изследвания върху трите равнинни породи коне - Дунавски, Плевенски и Източнобългарски показват напълно различен и специфичен генетичен профил от планинските. Като пример за Дунавската порода е характерна доминантната група G, а при Източнобългарския и Плевенски кон доминиращи митохондриални групи са L и Q. Митохондриални групи G и Q се считат характерни за Средноазиатските коне, но както вече споменах, изследвания от Източна Европа не са провеждани.

#### **5. Приноси в изучаване на местната порода свине (*Sus scrofa*) (9).**

Единствената запазена местна Българската порода свине е Източнобалканската. Няколко сравнително популационно-генетични изследвания досега показваха съществени различия между стадата от тази порода отглеждани на север и на юг от Стара Планина. Докато в северна България са наблюдава смесен митохондриален генетичен профил от т.нар. „Европейски“ и „Азиатски“ групи, в отглежданите в Тракия животни е установяван само „Азиатски“ митохондриален тип.

Нашето изследване (9) имаше за цел да потвърди този интересен факт със разширена извадка. Генетичните изследвания по митохондриалния геничен маркер (D-loop), декларативно показаха, че Източнобалканските популация прасета от Югоизточна България са хомогенни по този генетичен маркер. Допълнително бяха установени и няколко специфични за този географски регион митохондриални хаплотипа.

#### **6. Приноси свързани с археогенетични изследвания на хората (35).**

Като допълнение към темите свързани с археозоологичните генетични изследвания при животни, участвахме и в екип по проект на БАН “Траките – генезис и развитие на етноса, културни идентичности, цивилизационни взаимодействия и наследство от древността, Тема 1”, съвместно с колектив от ИМБ-БАН. Проведените изследвания на

древни човешки костни останки са първите, извършени изцяло в България. Успешно бяха анализирани генетично няколко човешки останки от края на Бронзовата и началото на Желязната епоха, от един уникален ранно-тракийски некропол при с. Стамболово, Хасковско. Генотипирането и анализа на секвенираните митохондриални и автозомни полово-свързани генетични маркери бяха използвани в археологичната интерпретация за този обект.

### **Други приноси**

Освен тези научни приноси, които считам за основни и са реализирани при мое участие като водещ автор и експерт по молекулярно-генетичен и филогенетичен анализ, съм участвал също и в други изследвания, като участник в работни групи и проекти в ИБЕИ-БАН.

## **7. Приноси свързани с изучаването на медоносната пчела (*Apis mellifera*) и свързани биологични патогени (1, 7, 13, 14, 21, 29, 31)**

7.1. Установени е **уникален генетичен маркер**, характеризиращ местния локален екотип на *Apis mellifera macedonica* в България - *Apis mellifera rodopica* (21).

7.2. Установено е, че причинителят на нозематозата по пчелите - микоспоридни гъбички от род *Nosema* е представена в днешно време само от **инвазивния вид - *Nosema ceranae***. Този топлолюбив вид е изместил вече Европейския вид *Nosema apis* в Южна Европа.

7.3. Генетично установени са 4 вируси по *Apis mellifera* - деформиращ крилата вирус – DWV; вирус на острия паралич – ABPV; мехурчест гнилец – SBV; и вирус на черната пчелна майка – BQCV. Един от тези вируси е установен за първи път в България (ABPV). Секвенционният и филогенетичен анализ на различни публикувани вирусни щамове показват най-голямо сходство на вирусните щамове разпространени в България с тези от Централна и Източна Европа. Установено е, че щамове на вирусите от България на мехурчестия гнилец (SBV) и вирус на черната пчелна майка (BQCV) имат най-голямо сходство с източно азиатски вирусни щамове за разлика от тези разпространени в Западна

Европа. Тези данни доказват два различни пътя за проникване на тези вируси в Европа, чрез паразитния инвазивен акар (*Varroa destructor*) през 70-те години на миналия век.

## 8. Приноси свързани с изучаването на свободно живеещи нематоди (10, 19, 20, 23, 26)

В тези изследвания съм участвал при молекулярно генетичната идентификация (генетични маркери – 18S и 28S рДНК), обучение на кадри, методична и логистична подготовка, секвенционен и филогенетичен анализ.

### 8.1. Nematoda, Dorylaimidae

- *Longidorus polyae* sp. n. (10);
- *Longidorus pisi* Edward, Misra & Singh, 1964 (10);
- *Longidorus piceicola* Lišková, Robbins & Brown, 1997 (20);
- *Calcaridorylaimus castaneae* sp. n. (26);
- *Amblydorylaimus isokaryon* (Loof, 1975) Andrásy, 1998 (23);
- *Pararhyssocolpus paradoxus* (Loof, 1975), gen. n., comb. n. (23);

### 8.2. Nematoda, Nordiidae

- *Enchodeloides signyensis* (Loof, 1975), gen. n., comb. n. (19).

## 9. Приноси свързани с изучаването на паразитни червеи (4, 11, 25)

В тези изследвания съм участвал при молекулярно генетичната идентификация (генетични маркери – 18S и 28S рДНК, митохондриални и ядрени гени), обучение на кадри, методична и логистична подготовка, секвенционен и филогенетичен анализ.

- *Fasciola hepatica* (Platyhelminthes, Digenea, Fasciolidae) (4);
- *Coronacanthus integrus* (Cestoda: Cyclophyllidea) (11);
- *Coronacanthus magnihamatus* (Cestoda: Cyclophyllidea) (11);
- *Coronacanthus omissus* (Cestoda: Cyclophyllidea) (11);

- *Coronacanthus vassilevi* (Cestoda: Cyclophyllidea) (11);
- *Ditestolepis diaphana* (Cestoda: Cyclophyllidea) (11);
- *Lineolepis scutigera* (Cestoda: Cyclophyllidea) (11);
- *Spasskylepis ovaluteri* (Cestoda: Cyclophyllidea) (11);
- *Staphylocystis tiara* (Cestoda: Cyclophyllidea) (11);
- *Staphylocystis furcata* (Cestoda: Cyclophyllidea) (11);
- *Staphylocystis uncinata* (Cestoda: Cyclophyllidea) (11);
- *Vaucherilepis trichophorus* (Cestoda: Cyclophyllidea) (11);
- *Neoskrjabinolepis* sp. (Cestoda: Cyclophyllidea) (11);
- *Aphalloides coelomicola* Dollfus, Chabaud & Golvan, 1957 (Digenea, Opisthorchioidea) (25).

**10. Приноси свързани с генетично и биохимично разнообразие на млечни протеини (2, 3, 15, 30)**

В тези изследвания съм участвал при молекулярно генетичната идентификация, обучение на кадри, методична и логистична подготовка, секвенционен и филогенетичен анализ.

Като последно участие в представените публикационни резултати, ще посоча работата на докторант Виолета Желязкова (НПМ-БАН) (5) върху паразитната гъбичка *Pseudogymnoascus destructans* – причинител на заболяване по прилепи. В това изследване съм участвал в обучение на кадри, методична и логистична подготовка на експериментите.

16.10.2020 г.

Подпис:

(Доц. д-р Георги Радославов)