

Справка
на най-значимите научни приноси
на д-р Симона Георгиева,
Биолог в секция „Биоразнообразие и таксономия на паразитите“
ИГ „Таксономия, еволюция и екология на хелминтите“

(във връзка с участието в конкурс за „доцент“ по професионално направление 4.3. Биологически науки по научна специалност „Паразитология и хелминтология“, за нуждите на изследователска група „Таксономия, еволюция и екология на хелминтите“, секция „Биоразнообразие и екология на паразитите“, отдел „Животинско разнообразие и ресурси“ 2024 г.)

Научните ми изследвания са насочени в няколко взаимосвързани направления, отразяващи основните ми дългосрочни научни интереси, а именно изучаване на видовото разнообразие и еволюцията на хелминти от различни местообитания, и разкриване на жизнените им цикли с помощта на интегративен таксономичен подход. Изследванията ми са насочени към по-доброто разбиране на процесите на диверсификация и разпространение на паразите. Част от публикациите ми засягат важни тематикати като паразити на видове с приоритетно значение – инвазивни видове и ко-интродукцията на паразити, видове от консервационно значение, както и разкриване на паразитното разнообразие в слабо проучени местообитания вкл. полярни и суб-полярни екосистеми, хиперсалинни и/или силно антропогенно повлияни, междуетливи влажни зони. Като цяло до момента изследванията ми разглеждат актуални въпроси от различни гледни точки на паразитологията, използвайки сравнителни и интердисциплинарни подходи. Най-важните резултати от научните ми изследвания са обобщени по следния начин:

I. Приноси в изучаването на видовото разнообразие, еволюцията и жизнените цикли на трематодите с помощта на интегративен таксономичен подход

Изучаването на трематодното разнообразие, тяхната еволюция, и жизнени цикли е осъществено чрез прилагане на интегративен таксономичен подход, включващ комбиниране на различни източници на доказателства за разграничаване на видовете, а именно чрез детайлно характеризирание и определяне на различни стадии от жизнения цикъл на трематодните на основата на: (i) морфологични; (ii) молекулярни, и (iii) екологични данни, и съпоставяне на получените резултати за отделните стадии от паразитния жизнен цикъл за подпомагане установяването на видова идентичност. В поредица изследвания обхващащи разнообразни сладководни местообитания от южните части на Европа до суб-полярните ширини е направено характеризирание на 27 трематодни вида от 7 широко разпространени семейства: *Allocreadiidae*, *Diplostomatidae*, *Echinostomatidae*, *Notocotylidae*, *Plagiorchiidae*, *Schistosomatidae*, и *Strigeidae*. Благодарение на силно международно сътрудничество е събран обилен материал, който е използван за създаването на големи библиотеки от данни на

морфологични белези съчетани с молекулярни маркери за видово отдиференциране на основата на митохондриални (*cox1*, *nad1*, *nad3*) и ядрени (ITS, 28S рДНК) генни региони. В резултат са направени морфологични описания и идентификационни ключове, където е било възможно за прецизиране на таксономията и осигуряване на надеждна идентификация при последващи изследвания, като по този начин се осигурят предпоставки за по-доброто изучаване на разнообразието на тези паразити в сладководните екосистеми (1–3, 5–11, 15, 19, 22).

1. Преразгледана е структурата на видовият комплекс *Echinostoma "revolutum"*. Изследван е материал събиран в продължение на 14 години (1998–2012) от повече от 20,000 сладководни охлюва принадлежащи към 16 вида от разнообразни сладководни местообитания на 8 европейски държави. Европейските видове на *Echinostoma* са разграничени на основата на интегративен подход съчетаващ молекулярни, морфологични и екологични данни включващи: (i) подкрепа за реципрочна монофилия във филогенетичните хипотези на основата на *nad1* (представляващ консервативен подход към разграничаването на видовете от групата); (ii) дивергенция при *nad1* (включително генетични дистанции) и 28S рДНК гени региони; (iii) установяване на връзката на ларви и възрастни стадии на базата на съпоставяне на секвенции; (iv) сравнения на секвенции с вече публикувани такива; (v) детайлна морфологична характеристика и идентификация на изолати от церкарии и възрастни; (vi) експерименталното проучване на жизнените цикли на изследваните видове; (vi) специфичност спрямо първия междинен гостоприемник. В резултат на изследването са установени 6 вида, от които 2 нови за науката (*E. nasincovae* Faltýnková, Georgieva, Soldánová & Kostadinova, 2015; *Echinostoma* sp. IG). Прецизиран е статуса на *E. revolutum* (*sensu stricto*), потвърдена е валидността на *E. paraulum* Dietz, 1909 и е изготвен ключ за определяне на церкариите и възрастните стадии на съответните видове на базата на светлинна микроскопия и прилагане на набор от светлинно-микроскопски техники при работа с жив материал (3, 8, 11).

2. Проведено е мащабно проучване за разкриване на видовото разнообразие на проблематичния род *Diplostomum* в Европа. Генерирани са молекулярни данни за баркодовия регион на митохондриалния *cox1* ген, D1–D3 региони на 28S рДНК и ITS1-5.8S-ITS2 рибозомален клъстер на изолати от охлюви, сладководни риби и рибоядни птици. Филогенетичните анализи отдефинираха 44 молекулярно характеризирани вида. Въз основа на получените резултати е: (i) актуализирана номенклатурата на молекулярно характеризираните линии на *Diplostomum*; (ii) преразглеждани са видовете състави на комплексите на *D. "baeri"* и *D. "mergi"*, (iii) преопределяне и пре-класифициране на 98 изолата на вида *D. baeri* от Северна Америка. Ларвните стадии, церкария и метацеркария, на *Diplostomum phoxini* (Faust, 1918) са преописани от междинните гостоприемници, *Ampullaceana balthica* (L.) и *Phoxinus phoxinus* (L.) в р. Рур, Германия. Получени са нови молекулярни данни както за *D. phoxini*, и за първият му междинен гостоприемник *A. balthica*. Изготвени са ключове за определяне на видовете за отделните стадии от развитие на основата на светлинна и сканираща електронна микроскопия (2, 3, 7, 9, 10, 18).

3. Проведено е широко проучване за разкриване на видовото разнообразие и моделите на асоцииране на паразит-гостоприемник в системата *Diplostomum* spp. – втори междинен гостоприемник в р. Дунав. Тестван е *nad3* като маркер за

баркодинг в паралел с *cox1* и ITS1-5.8S-ITS2 рДНК. Морфологично и молекулярно са характеризирани метацеркарии на *Diplostomum* spp. от 16 вида риби принадлежащи към пет семейства. Направено е морфометрично сравнение на живи и фиксирани изолати. Баркодирането на представителни изолати разкри наличието на три генетични линии на ниво вид: *D. spathaceum*, *D. pseudospathaceum* и '*D. mergi* Lineage 2' и три единични изолата, потенциално представляващи различни видове. Частично е разкрит жизнения цикъл на '*D. mergi* Lineage 2' с помощта на съпоставяне на секвенции от различни стадии на развитие. Направена е оценка на хаплотипното разнообразие на секвеннираните изолати и възможното структуриране в изследваните видове гостоприемници. Установено е, че: (i) *nad3* се отличава с по-високи нива на междувидова дивергенция в сравнение с *cox1*; (ii) липсва генетично структуриране във втория междинен гостоприемник; (iii) специфичността към втория междинен гостоприемника е изключително ниска като видовете от рода заразяват широк спектър от шараноподобни риби, както и видове принадлежащи към други семейства (Acipenseridae, Lotidae, Percidae и Siluridae) (11).

4. За първи път е проучено видовото разнообразие на род *Plagiorchis* Lühe, 1899 в лимнеидни охлюви в сладководни системи от централна Европа. Ларвните стадии на *Plagiorchis* са едновременно широко разпространени и екологично значими паразити в охлювите популации. Приложено е баркодиране на основата на *cox1* секвенции за видово разграничаване, поради трудности при разграничаване на ларвните форми свързани с високи нива на морфологична хомогенност при таксономично-значимите белези. Видова идентичност на изследвания материал е постигната чрез сравнение/съпоставяне на секвенции за *cox1*, ITS1-5.8S-ITS2 и 28S рДНК. Разкрити са 5 генетично отдиференцирани линии. Морфологичните и морфометрични данни са използвани за изготвяне на ключове за определяне на видовете по церкарийните форми (5).

II. Приноси в разкриване на трематодното разнообразие в екстремни екосистеми

- Полярни и суб-полярни

5. Направено е мащабно изследване за разкриване на паразитното разнообразие в сладководни суб-арктични системи в Исландия и Норвегия. Характеризирани са трематоди от междинни (мекотели, водни инсекти и риби) и крайни (риби) гостоприемници. Установени са 24 вида/генетични линии, включително 16 вероятни самостоятелни вида принадлежащи към 6 семейства (Allocreadiidae, Diplostomidae, Echinostomatidae, Plagiorchiidae, Notocotylidae, Schistosomatidae и Strigeidae) типични за сладководни стагнантни екосистеми като преобладаващата част от видовете/генетични линии са уникални за суб-арктичните и арктични екосистеми. Разкрито е богато разнообразие на трематоди въпреки относително бедното видово разнообразие на свободно живеещи гостоприемници (1,3, 9, 10, 11, 19).

6. На основата на филогенетични анализи са разкрити а основни междинни гостоприемници (мекотели): *Radix balthica* (L., 1758), *Pisidium casertanum* (Poli, 1971), *Sphaerium* sp. за изследваните групи трематоди. Изготвени са описания и ключове за определяне на установените ларвни стадии и са разкрити (частично и/или изцяло) жизнените цикли на 15 вида/генетично обособени линии: *Petasiger islandicus* Kostadinova & Skírnisson, 2007, *Crepidostomum metoecus* (Braun, 1900), *Crepidostomum* spp. 1 & 2, *Diplostomum phoxini* (Faust, 1918), *Diplostomum* spp.

Lineages 2, 4, 6; *Plagiorchis* spp. 1-6; *Cotylurus cornutus* (Rudolphi, 1808).

Изследването полага основата за надеждна идентификация и оценка на взаимоотношенията паразит-гостоприемник в бъдещи проучвания на трофични мрежи в полярните и суб-полярни екосистеми (1, 3, 9, 10, **8**).

7. В паралелно изследване за първи път е оценено видовото разнообразие и гостоприемниковия спектър на видовете от род *Diplostomum* в субарктически сладководни екосистеми в Исландия. Приложени са анализи, интегриращи различни аналитични подходи: филогенетични, основаващи се на митохондриална и ядрена ДНК секвенции, оценки на генетична дивергенция, "character-based" баркодинг, детайлно морфологично изследване на живи ларви стадии и изработка на електронни ваучери, установяване и картиране на видово специфични микрохабитати. Разкрито е наличие на един описан и пет предполагаеми нови вида, които осъществяват жизнените си цикли в сравнително ограничен географски ареал в Исландия. Ларвите стадии, церкария и метцеркария, на установените видове са детайлно описани на базата на светлинна и електронна микроскопия и са сравнени с близкородствени видове от Холарктика (9, 10).

8. Обобщено е разнообразието и еволюцията на дигенейни трематоди паразити на риби от Южния ледовит океан. Генерирани са първи молекулярни данни за 8 вида от три семейства: Hemiuridae, Opencolidae и Lepidapedidae. Предложени са филогенетични хипотези получени от 'Bayesian inference analysis' за видовите връзки в отделните семейства. Потвърдена е сходната еволюция на дигенейните трематоди от дълбоководни и полярни морски екосистеми и е отграничен полифилетичния характер на широко разпространения род *Macvicaria*. Базаланата позиция и по-бавните еволюционни темпове на антарктическите представители от рода предоставят основания за необходимостта от таксономична ревизия и разграничаване на видово ниво (**8**).

- **Дълбоководни**

9. За първи път е проведено изследване върху разнообразието и популяционно-генетичната структура на видове от род *Lepidapedon* паразити на дълбоководни риби. Събран е материал от 5 вида гостоприемника (*Coelorinchus mediterraneus*, *Lepidion lepidion* (Risso), *Phycis blennoides* (Brünnich), *Trachyrincus scabrus* (Rafinesque) и *Mora moro* (Risso)), чрез дънно тралене от дълбочини между 400 и 2000 м от Западното Средиземноморие. Приложен е интегративен таксономичен подход за идентифициране и оценка на разнообразието на трематодите от рода и моделите на генетична и епидемиологична вариация на паразитните популации по отношение на вида гостоприемник и неговото географско и батиметрично разпространение. Приложени са филогенетични и популяционно-генетични изследвания за подпомагане на видовата идентификация и изследване на взаимовръзките на родово ново на основата на частични фрагменти на митохондриалния *nad1* и 28S рДНК гени. Разкрито е ниско видово разнообразие и ниска гостоприемникова специфичност – установени са два вида (*L. desclersae* и *L. guevarai*) паразитиращи и в петте вига изследвани гостоприемници със значителни разлики в епидемиологичните им параметри, свързани с вида гостоприемник и неговото географско и батиметрично разпространение. Въпреки това не е установена генетична диференциация на популациите на по-обилно секвенирания вид (*L. desclersae*). Направено е описание на морфоформите на *L. desclersae* от отделните видове

гостоприемници. Изследването показва, че комбинирането на популационно-генетични и екологични анализи е обещаващ подход за оценка на факторите и възможните механизми, които определят моделите на свързаност между паразитните популации в дълбоководните морски екосистеми (13, 32).

- **Хиперсалинни и силно антропогенно повлияни**

10. Проведено в проучване на птичите шистозоми (Digenea: Schistosomatidae) от крайбрежието на Иран при Персийския залив. За първи път е разкрит жизненият цикъл на *Ornithobilharzia canaliculata* (Rudolphi, 1819) и е направен мащабен филогенетичен анализ на сем. Schistosomatidae на основата на рибозомния 28S рДНК и митохондриалния *cox1* гени региони. Резултатите показват: (i) липса на монофилия на птичите шистозоми; (ii) ранна еволюция на шистозомите с морски жизнен цикъл и последваща колонизация на сладководни басейни съпроводена с колонизация на различни групи бозайници и птици; (iii) вторичен “host-” и “habitat-switching” с преминаване от сладководни към морски местообитания. Изследването предоставя важна информация за взаимоотношенията паразит-гостоприемник и подчертава значението на молекулярната систематика при оценката на етиологично значими паразити (31).

- **Междуетливни влажни зони – скалистите брегове на Австралия**

11. За първи път е проучено трематодното разнообразие в морския гастропод *Austrolittorina unifasciata* Gray от крайбрежието на Австралия. Светлинно- и електронно-микроскопски изследвания са приложени за описването на церкарийните форми, а новогенерирани *cox1* и 28S рДНК секвенции са използвани за подпомагане на видовата идентификация чрез построяване на филогенетични хипотези за отделните установени таксони. В изследваните 2,407 индивида *A. unifasciata* са установени 5 вида трематоди принадлежащи към семействата: Notocotylidae Lühe, 1909; Renicolidae Dollfus, 1939; Gorgocephalidae Manter, 1966 и Philophthalmidae Looss, 1899. Хаплотипна мрежа на базата на генерираните *cox1* секвенции е построена за най-обилния вид *Gorgocephalus* sp. Aus разкриваща силно вариращо хаплотипно разнообразие между отделните места на пробовземане (16).

- **“Biodiversity hotspots” – ез. Танганайка**

12. За първи път е изследвано разнообразието на трематоди в ендемичните латидни костури в езерото Танганайка, които представляват важен търговски обект за местния риболов. На базата на морфологични изследвания и филигенетични анализи на 28S рДНК и *cox1* гени региони са установени 6 вида от три рода. Всички видове са описани като нови за науката. Внесени са изменения и допълнения в диагнозата на род *Neocladocystis* Manter & Pritchard, 1969 и са предложени два нови рода – *Tanganyikatrema* Kmentová, Georgieva & Bray, 2020 и *Grandifundilamena* Bray, Kmentová & Georgieva, 2020. Изследването предоставя първи данни за разнообразието на трематоди в ез. Танганайка и подчертава важноста на интегративния подход в изследванията на биоразнообразието на паразитите в тази уникална екосистема (28).

III. Приноси в изследванията на паразитното разнообразие на видове гостоприемници с приоритетно значение

- Ко-интродукция на паразити

13. На базата на детайлно морфологично и молекулярно изследване за първи път в Европа е документирана ко-интродукцията на алохтонния и широко разпространен патоген на рибите от Северна Америка *Posthodiplostomum centrarchi* Hoffman, 1958. Видът е установен в междинни и крайни гостоприемници в материали от България, Словакия, и Испания. Изолиран и секвениран сравнителен материал на *Posthodiplostomum* и *Ornithodiplostomum* от Чехия и Литва спомогна за по-задълбочени анализи и наложи таксономични промени като подвидовете *Posthodiplostomum minimum minimum* P. m. *centrarchi* са издигнати до ниво вид. Поради установеното широко географско разпространение и гостоприемници, се хипотетизира, че най-вероятно *P. centrarchi* е колонизирал Европа отдавна. Изследването представлява важен принос по отношение на последствията на **интродукция и съществуваща ко-интродукцията на паразити**, които могат да имат сериозни последици на екосистемно ниво (18).

14. Морфологично и молекулярно са характеризирани ехиностомни видове трематоди от интродуцирани ловни птици (*Anas platyrhynchos* L., и *Cygnus atratus* (Latham) (Anseriformes: Anatidae) в Нова Зеландия. В резултат на изследването са установени 4 вида, от които два нови за науката (*Echinostoma novaezealandense* Georgieva, Blasco-Costa & Kostadinova, 2017; *Echinoparyohium poulini* Georgieva, Blasco-Costa & Kostadinova, 2017, *Echinostoma miyagawai* Ishii, 1932 е съобщен за първи път за фауната на Нова Зеландия, а *Echinoparyohium ellisi*, Johnston & Simpson, 1944) е регистриран в нов вид гостоприемник (24).

- Паразити на видове с консервационно значение

15. Преописани са два вида трематоди, *Nasitrema spathulatum* Ozaki, 1935 и *N. sunameri* Yamaguti, 1951, от краниалните синуси и слуховия апарат на застрашения от изчезване вид източноазиатска морска свиня *Neophocaena asiaeorientalis sunameri* Pilleri et Gihl от водите на Жълто море, Корея. Генерирани са първи молекулярни данни (*nad3*, 28S рДНК) за *N. spathulatum* и *N. sunameri* и са оценени филогенетичните взаимовръзки сред представителите на семейство Brachycladiidae. Изследването представя първа географска находка за *N. sunameri* от водите на Корея и е един от редките примери на „parasite-induced stranding event“ (22).

16. В две паралелни изследвания са характеризирани хелминтите на Магелановия пингвин *Spheniscus magellanicus* (Foster) и перконоги от бреговете на Бразилия и Аржентина. Установен е „host-switching“ от морски перконоги към пингвиноподобни птици при акантоцефала *Corynosoma australe* Johnston, 1937. За потвърждаване на видовата принадлежност са секвенирани и сравнени фрагменти на *cox1* и 28S рДНК от материал събран от два вида перконоги (южноамериканския морски лъв *Otaria flavescens* Shaw и южноамериканския морска котка *Arctocephalus australis* Zimmermann, 1783). Установени са разлики: (i) в параметрите на инфекция между пингвините и перконогите, както и (ii) разлики по отношение на съотношението мъжки:женски екземпляри със силно изразено присъствие на женски екземпляри в пингвините и равно съотношение при перконогите; (iii) разлики в размерите на женските – по-малки екземпляри са установени в морския лъв *Otaria flavescens*, както и (iv) по-ниска плодовитост

(съотношение на напълно развити яйца) при екземпляри от Магелановия пингвин *S. magellanicus*. Наличието на зрели *C. australe* в Магелановия пингвин може да се интерпретира като адаптивна колонизация на нов птичи гостоприемник посредством благоприятни мутации, както и би могло да се разглежда като пример на екологично приспособяване посредством плезиоморфен гостоприемник, имайки предвид, че анцестралните представители на *Corynosoma* паразитират във водни птици (23).

17. Магелановият пингвин е съобщен като гостоприемник на два вида хетерофиидни трематода, от които един нов за науката: *Ascocotyle (Phagicola) cameliae* Hernández-Orts, Georgieva, Landete & Scholz, 2019. *Ascocotyle (Phagicola) patagoniensis* Hernández-Orts, Montero, Crespo, García, Raga & Aznar, 2012e преописан на основата на новосъбран свеж материал от южноамериканския морски лъв *O. flavescens*. Метацеркарийните стадии на този вид са съобщени и описани за първи път от сърцето на два вида атериноподобни риби, *Odontesthes argentinensis* (Valenciennes) и *O. smitti* (Lahille) от Патагония въз основа на съпоставяне на новогенерираните секвенции (*cox1* и 28S рДНК) от различните стадии на развитие на паразита. Описанията на видовете е направено на основата на светлинна и електронна микроскопия. Междувидовите връзки в рода *Ascocotyle* както и тези на ниво семейство и разред са разгледани на основата на получени филогенетични хипотези за 28S рДНК ген (D1-D3 вариабилна район)(26).

- **Морски екосистеми: Паразити на видове с търговско значение**

18. Описан е нов за науката вид, *Skoulekia erythrini* Palacios-Abella, Georgieva, Mele, Raga, Isbert, Kostadinova & Montero от сърце, бъбрек и хрилни кръвоносни съдове на мерджана *Pagellus erythrinus* (L.) (Sparidae) от западното Средиземноморие. Приложен е интегративен подход съчетаващ различни техники вкл. светлинна и сканираща електронна микроскопия, както и хистологични и молекулярни изследвания. Детайлно изучаване на типовия материал на рода наложи внасяне на изменения и допълване както на видовата диагноза на типовия вид, така и на родовата диагноза. Видовете на *Skoulekia* се считат за силно патогенен за гостоприемника – натрупването на яйца в хрилните тъкани е свързано с тежки патологии, затруднения в кръвообращението и намаляване на дихателната повърхност, като резултат от разрушен хрилен епител от излюпването на мирацидиите (21).

19. Описан е нов за науката вид хемиурид *Saturnius gibsoni* Marzoug, Rima, Boutiba, Georgieva, Kostadinova & Pérez-del-Olmo (Digenea: Hemiuridae) от морския кефал *Mugil cephalus* L. от крайбрежието на Алжир. Получени са молекулярни данни за 28S рДНК, на основата на които е построена филогенетична хипотеза за сем. Hemiuridae. В резултат на филогенетичния анализ, подсем. Bunocotylineae Dollfus, 1950, към което описаният вид принадлежи, е разкрито като базално за семейството (14).

20. Проведено е първо проучване за разкриване на разнообразието на представители от сем. Diplostomidae от сладководни местообитания в Африка. Приложен е баркодинг на базата на два молекулярни маркера (*cox1* и ITS1-5.8S-ITS2). Разкрити са три вида *Tylodelphys* от черепната кухня на *Clarias gariepinus* (Burchell) (Siluriformes: Clariidae) и един вид *Diplostomum* от очната леща на *Synodontis nigrita* Valenciennes (Siluriformes: Mochokidae) (4).

IV. Приноси към изучаването на повърхностни въглехидрати на ларвни стадии на *Fasciola hepatica* L., 1758

21. За първи път е направено характеризира на повърхностните въглехидрати на мирацидийния ларвен стадий на чернодробния метил, *Fasciola hepatica* L., 1758, чрез прилагането на набор от лектини с известна въглехидратна специфичност. Етапите на трансформация на мирацидий в спороциста са документирани и описани след *in vitro* стимулиране. Установено е ускорена трансформация на мирацидии в спороцисти в присъствие на лектини и се предполага, че лектин-въглехидратното разпознаване представлява сигнал за морфологични промени на този етап от жизнения цикъл на паразита (12).

V. Приноси към фауната, таксономията и еволюцията на моногенеите

22. Структурата на род *Microcotyle* е преоценена на основата на сравнителни морфологични и молекулярни данни. Преописан е видът *M. erythrini* van Beneden & Hesse, 1863 (*sensu stricto*) и е доказана неговата ниска госторпиемникова специфичност. Описан е един вид нов за науката (*M. whittingtoni* Villora-Montero, Pérez-del-Olmo, Georgieva, Raga & Montero) и са предложени нови диагностични морфологични белези при определянето на видовете от рода паразитиращи по средиземноморски спариди (27).

23. Изследвано е моногенейното разнообразие на четири вида спаридни риби (*Diplodus vulgaris* (Geoffroy Saint'Hilaire), *Pagellus bogaraveo* (Brünnich), *Pagrus pagrus* (L.) и *Sparus aurata* L.) от крайбрежието на Алжир, западната част на Средиземно море. Получени са нови молекулярни данни (*cox1* и D1–D3 региони на 28S rDNA) за голяма част от събраните моногенеи. Общо 46 секвенции за всеки ген са генерирани от 38 изолата, които включват четири вида: *Atrispinum acarne* Maillard & Noisy, 1979; *Microcotyle erythrini* (*sensu stricto*) van Beneden & Hesse, 1863, *Sparicotyle chrysophryi* (van Beneden & Hesse, 1863) и *Prostatomicrocotylinae* gen. sp. от семейство Microcotylidae Taschenberg, 1879, два предполагаеми вида от семейство Capsalidae (*Encotyllabe* spp.), и един вид от сем. Diclidophoridae Cerfontaine, 1895, *Choricotyle chrysophryi* van Beneden & Hesse, 1863. Изследването предоставя: (i) първи молекулярни данни за сем. Capsalidae от Средиземно море; (ii) първо съобщение за вид от подсем. Prostatomicrocotylinae от Средиземно море и от спарид (*D. vulgaris*); (iii) първата *cox1* секвенция за вида *A. acarne*; (iv) второ съобщение за *M. erythrini* (*sensu stricto*) от *P. pagrus*; (v) *S. chrysophryi* е съобщен за втори път в свободно живееща популация на *S. aurata*. Направени са първите филогенетични хипотези за сем. Microcotylidae. Потвърдена е монофилията на подсем. Prostatomicrocotylinae и род *Microcotyle*, а подсем. Microcotylinae е разкрито като полифилетично. Получените резултати потвърждават важността на молекулярните методи при оценяването на моногенейното разнообразие, както и необходимостта от прецизен таксон-подборен подход за увеличаване акуратността на филогенетичната реконструкция и взаимовръзките в голямото и таксономично проблематично полиопистокотилейно сем. Microcotylidae (30).

Към настоящата справка е приложен списък на публикуваните номенклатурни актове (към октомври 2024 г.).

04.10.2024 г.

Подпис:

(д-р Симона Георгиева)

Списък
на номенклатурните актове, съдържащи се в публикациите на
д-р Симона Георгиева (към октомври 2024 г.)

Нови родове:

Tanganyikatrema Kmentová, Georgieva & Bray, 2020 (публ. 28)

Grandifundilamena Bray, Kmentová & Georgieva, 2020 (публ. 28)

Нови видове:

Ascocotyle (Phagicola) cameliae Hernández-Orts, Georgieva, Landete & Scholz, 2019 (публ. 26)

Echinostoma nasincovae Faltýnková, Georgieva, Soldánová & Kostadinova, 2015 (публ. 11)

Echinoparyphium poulini Georgieva, Blasco-Costa & Kostadinova, 2017 (публ. 24)

Echinostoma novaezealandense Georgieva, Blasco-Costa & Kostadinova, 2017 (публ. 24)

Grandifundilamena novemtestes Bray, Kmentová & Georgieva, 2020 (публ. 28)

Macvicaria bartolii Antar, Georgieva, Gargouri & Kostadinova, 2015 (публ. 17)

Macvicaria gibsoni Rima, Marzoug, Pérez-del-Olmo, Kostadinova, Bouderbala & Georgieva, 2017 (публ. 20)

Macvicaria maamouriae Antar, Georgieva, Gargouri & Kostadinova, 2015 (публ. 17)

Microcotyle whittingtoni Vllora-Montero, Pérez-del-Olmo, Georgieva, Raga & Montero, 2020 (публ. 27)

Neocladocystis bemba Georgieva, Kmentová & Bray, 2020 (публ. 28)

Neocladocystis biliaris Georgieva, Kmentová & Bray, 2020 (публ. 28)

Saturnius gibsoni Marzoug, Rima, Boutiba, Georgieva, Kostadinova & Pérez-del-Olmo, 2014 (публ. 14)

Skoulekia erythrini Palacios-Abella, Georgieva, Mele, Raga, Isbert, Kostadinova & Montero, 2017 (публ. 21)

Tanganyikatrema fusiforma Kmentová, Georgieva & Bray, 2020 (публ. 28)