

8. РЕЗЮМЕТА

на рецензираните публикации на български и английски език

на доц. д-р Петя Павлова Иванова,

представени в конкурс за заемане на академичната длъжност „професор“ в направление 4.3. Биологически науки, Научна специалност: „Хидробиология“, Научно направление: „Генетика на хидробионти“, обявен в ДВ бр.12 от 03.02.2023 г.

ПОКАЗАТЕЛ В. НАУЧНИ ПУБЛИКАЦИИ В ИЗДАНИЯ, КОИТО СА РЕФЕРИРАНИ И ИНДЕКСИРАНИ В СВЕТОВНОИЗВЕСТНИ БАЗИ ДАННИ С НАУЧНА ИНФОРМАЦИЯ (WEB OF SCIENCE И SCOPUS).

B.1. Kotlik, P., Markova, S., Choleva, L., Bogutskaya, N., Ekmekci, F. and Ivanova, P. 2008. Divergence with gene flow between Ponto-Caspian refugia in an anadromous cyprinid *Rutilus frisii* revealed by multiple gene phylogeography. *Molecular Ecology*, 17(4): 1076-1088.

The Black and Caspian Seas have experienced alternating periods of isolation and interconnection over many Milankovitch climate oscillations and most recently became separated when the meltwater overflow from the Caspian Sea ceased at the end of the last glaciation. Climate-induced habitat changes have indisputably had profound impacts on distribution and demography of aquatic species, yet uncertainties remain about the relative roles of isolation and dispersal in the response of species shared between the Black and Caspian Sea basins. We examined these issues using phylogeographical analysis of an anadromous cyprinid fish *Rutilus frisii*. Bayesian coalescence analyses of sequence variation at two nuclear and one mitochondrial genes suggest that the Black and Caspian Seas supported separate populations of *R. frisii* during the last glaciation. Parameter estimates from the fitted isolation-with-migration model showed that their separation was not complete, however, and that the two populations continued to exchange genes in both directions. These analyses also suggested that majority of migrations occurred during the Pleistocene, showing that the variation shared between the Black and Caspian Seas is the result of ancient dispersal along the temporary natural connections between the basins, rather than of incomplete lineage sorting or recent human-mediated dispersal. Gene flow between the refugial populations was therefore an important source of genetic variation, and we suggest that it facilitated the evolutionary response of the populations to changing climate.

В.1. Котлик, П., Маркова, С., Чолева, Л., Богутская, Н., Екмекчи, Ф., Иванова, П. 2008. Дивергенция между понто-каспийските рефугиуми при анадромния шаранов вид *Rutilus frisii*, установена чрез множествена гена филогеография. *Molecular Ecology*, 17(4): 1076-1088.

Черно и Каспийско морета са преминали през редуващи се периоди на изолация и свързаност по време на множеството колебания на климата, резултат от дългосрочните ефекти на промените в позицията на Земята спрямо Слънцето, известни още като орбитални цикли на Миланкович и са се разделили последно, когато е спряло изтичането на вода от Каспийско море, образувана от топенето на сняг и лед в края на последното заледряване. Промените в местообитанията, предизвикани от климата, безспорно са имали дълбоки въздействия върху

разпространението и демографията на водните видове, но има несигурност по отношение на относителната роля на изолацията и разпространението на видовете, споделяни между басейните на Черно и Каспийско морета. Тези въпроси са разгледани, използвайки филогеографски анализ на анадромната шаранова риба *Rutilus frisii*. Анализът, базиран на метода байесов коалесцент, за разграничаване на видове, използвайки данни за мултилокусна генетична последователност на вариациите при два ядрени и един митохондриален ген предполагат, че Черно и Каспийско море са поддържали отделни популации на *R. frisii* по време на последното заледряване. Оценките на параметрите от модела на изолация с миграция показват, че тяхното разделяне не е пълно и че двете популации продължават да обменят гени и в двете посоки. Тези анализи също предполагат, че по-голямата част от миграциите са настъпили през плейстоцена, което показва, че вариацията, споделена между Черно и Каспийско море, е резултат от разпространението им в древността, при наличие на временни естествени връзки между басейните, а не от непълно сортиране по линия (запазване на полиморфизма на предците, трансвидов полиморфизъм) или скорошно разпространение, индуцирано от човека. Генният поток между тези изолирани популациите на някога по-широко разпространен вид е важен източник на генетични вариации и предполагаме, че той е улеснил еволюционния отговор на популациите на променящия се климат.

B.2. Janko, K., Flajshahans, M., Choleva, L., Bohlen, J., Shlechtova, V., Rabova, M., Lajbner, Z., Shlechta, V., Ivanova, P., Dobrovlov, I., Culling, M., Persat, H., Kotusz, J., Rab, P. 2007. Diversity of European spined loaches (genus *Cobitis* L.): an update of the geographic distribution of the *Cobitis taenia* hybrid complex with a description of new molecular tools for species determination. *Journal of Fish Biology* 71, 1–22. Suppl. X.

Although the unique features of asexual reproduction and hybridization among European spined loaches (genus *Cobitis*) have recently attracted the attention of conservation biologists, faunists and evolutionary biologists, the research has suffered from uncertain identification of specimens and their genomes because of the extreme morphological similarity of all the species within the hybrid complex. In this article, a Europe-wide study is reported, which was performed on samples collected by several research teams. Several complementary methodologies, such as allozyme analysis, karyotyping, flow cytometry and DNA sequencing allowed us to confirm or reject the existence of all previously reported species and their hybrids as well as to uncover several new hybrid biotypes. The biogeography of all the known biotypes, that is, parental species and hybrid biotypes, has been summarized here and the taxonomic position of two undescribed putative species mentioned in previous publications has been established. New polymerase chain reaction restriction fragment length polymorphism markers for species determination have further been developed and applied, which would allow the unambiguous identification of parental species and their genomes in the known hybrid biotypes within the complex.

В.2. Янко, К., Флайшаханс, М., Чолева, Л., Болен, Ю., Шлехтова, В., Рабова, М., Лайбнер, З., Шлехта, В., Иванова, П., Доброволов, И., Кулинг, М., Персат, Х., Котуз, Я., Раб, П. 2007. Разнообразие на европейски щипоци (род *Cobitis* L.): актуализация на географското разпространение на хибридният комплекс *Cobitis taenia* с описание на нови молекулярни подходи за определяне на видове. *Journal of Fish Biology* 71, 1–22, X.

Въпреки че уникалните особености на безполовото възпроизвеждане и хибридизация сред европейските щипоци (род *Cobitis*) наскоро привлякоха вниманието на биолози, работещи в областта на опазването на природата и биоразнообразието, както и на фаунисти и еволюционни

биолози, недостатък на изследванята е несигурната идентификация на екземплярите и техните геноми поради изключителното морфологично сходство на всички видове в хибридният комплекс. В тази статия се съобщава за общоевропейско проучване, проведено върху проби, събрани от няколко изследователски екипа. Приложените няколко допълващи се методологии, като алозимен анализ, кариотипиране, флоуцитометрия и секвениране на ДНК ни позволиха да потвърдим или отхвърлим съществуването на всички съобщени по-рано видове и техните хибриди, както и да разкрием няколко нови хибридни биотипа. Биогеографията на всички известни биотипове, т.е. родителски видове и хибридни биотипове, е обобщена и е установена таксономичната позиция на два неописани предполагаеми вида, споменати в предишни публикации. Допълнително са разработени и приложени нови маркери за полиморфизъм на дължината на рестрикционния фрагмент за определяне на вида, което би позволило точна идентификация на родителските видове и техните геноми в известните хибридни биотипове в комплекса.

B.3. Francisco, S.M., Congiu, L., Stefanni, S., Castilho, R., Brito, A., Ivanova, P., Levy, A., Cabaral, H., Kiliyas, G., Doadrio, F. and V. Almada. 2008. Phylogenetic relationships of the North-eastern Atlantic and Mediterranean forms of *Atherina* (Pisces, Atherinidae), *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 48, 782-788.

The genus *Atherina* (Sand-smelts) is distributed in the Eastern Atlantic Ocean and Mediterranean Sea, extending south along the African coast into the Indian Ocean (Quignard and Pras, 1986). It is a genus of small inshore fishes with many populations living in brackish and freshwater. The taxonomy of the genus has been troublesome due to the intraspecific variability of some of its species, the overlap of characters among many of them and because many nominal species were apparently described based on individuals originating from different localities. After the revision of Kiener and Spillman (1969) only three species were accepted for the Mediterranean and divided in two subgenera: *Atherina* including *Atherina hepsetus* (Linnaeus 1758) and *Hepsetia* including *Atherina boyeri* (Risso 1810) and *Atherina presbyter* (Cuvier 1829). *A. hepsetus* is restricted to the Mediterranean, *A. presbyter* occurs mainly in the North-eastern Atlantic and very sporadically in the Mediterranean, and *A. boyeri* occurs in both areas. In addition to these species, two others have been recognized: *A. lopeziana* confined to the Gulf of Guinea, and *A. breviceps* in the South-eastern Atlantic and ranging into the Indian Ocean along the East coast of Africa (Mauge', 1990). Some authors did not accept this revised classification and in the past 20 years several studies based on morphological traits and mitochondrial DNA have suggested some modifications or proposed new species among *A. boyeri*. A summary of the more relevant changes in the taxonomic history of Mediterranean *Atherina* is presented. In the present study 515 specimens ranging from the Wadden Sea to the Canary Islands and the Azores Islands, and eastwards to the Black Sea and a freshwater basin in Turkey were analyzed in order to investigate the phylogenetic relationships within the genus *Atherina* occurring in the North-eastern Atlantic and Mediterranean. Two mitochondrial DNA markers were analyzed: a fragment of the slowly evolving 12S rDNA gene and a fragment of the rapidly evolving control region (CR).

В.3. Франсиско, С.М., Конгиу, Л., Стефани, С., Кастило, Р., Брито, А., Иванова, П., Леви, А., Кабарал, Х., Килиас, Г., Доадрио, Ф., Алмада, В. 2008. Филогенетични връзки на североизточните атлантически и средиземноморски форми на атерината (*Pisces, Atherinidae*), *Molecular Phylogenetics and Evolution*, **48, 782-788.**

Родът *Atherina* е разпространен в източния Атлантически океан и Средиземно море на юг по протежението на африканския бряг до Индийския океан (Quignard and Pras, 1986). Това са род малки крайбрежни риби с много популации, живеещи в солени и сладки води. Таксономията на рода е била проблемна поради вътрешноспецифичната вариабилност на някои от видовете, припокриването на признаци при много от тях и поради факта, че много номинални видове са очевидно описани въз основа на индивиди, произхождащи от различни местнообитания. След ревизията на Kiener и Spillman (1969) само три вида бяха приети за Средиземно море и разделени на два подрода: *Atherina*, включително *Atherina hepsetus* (Linnaeus 1758) и *Hepsetia*, включително *Atherina boyeri* (Risso 1810) и *Atherina presbyter* (Cuvier 1829). *A. hepsetus* се среща само в Средиземно море, *A. presbyter* се среща главно в Североизточния Атлантик и спорадично в Средиземно море, а *A. boyeri* се среща и в двете области. В допълнение към тези видове са признати още два: *A. lopeziana*, ограничен до Гвинеийския залив, и *A. breviceps* в югоизточния Атлантик и достигащ до Индийския океан по източното крайбрежие на Африка (Mauge', 1990). Някои автори не приеха тази преработена класификация и през последните 20 години няколко проучвания, базирани на морфологични характеристики и анализ на митохондриалната ДНК, предложиха някои модификации или нови видове в рамките на *A. boyeri*. Представено е обобщение на по-важните промени в таксономичната история на средиземноморската атерина. В настоящото изследване бяха анализирани 515 екземпляра, от Ваденско море до Канарските и Азорските острови и на изток до Черно море и сладководен басейн в Турция, за да се изследват филогенетичните връзки в рамките на род *Atherina*, срещащи се в Североизточния Атлантик и Средиземно море. Анализирани са два митохондриални ДНК маркера: фрагмент от бавно еволюиращия 12S rDNA ген и фрагмент от бързо еволюиращия контролен регион (CR).

В.4. Velkova-Jordanoska, L., Ivanova, P., Dobrovolov, I, Stojanovski, S., Kostoski, G., Atanasov, G. 2009. "Population-genetic structure of *barbus cyclolepis* (*Pisces, Cyprinidae*)". *Biotechnology & Biotechnology Equipment*, **23, SE, 281-284.**

In the paper 25 samples of *Barbus cyclolepis* group from River Strumica, (Macedonia), 18 samples from river Marica and 2 samples from reservoir Dospat, (Bulgaria), and 5 samples from River Pinios (Greece) were investigated. General muscle proteins (miogens, sarcoplasmic proteins) and six enzymes (AAT, EST, MDH, LDH, ME, SOD) were electrophoretically analyzed. Based on protein starch-gel electrophoresis and isoelectric focusing (IEF) on thin polyacrilamide ampholine gel, intraspecies diverseness among populations of *Barbus cyclolepis* group from investigated localities were detected.

В.4. Велкова-Йорданоска, Л., Иванова, П., Доброволов, И., Стояновски, С., Костовски, Г., Атаносов, Г. 2009. Популационно - генетична структура на мряната *Barbus cyclolepis* (*Pisces, Cyprinidae*). *Biotechnology & Biotechnology Equipment*, **23, SE, 281-284.**

Изследвани са 25 екземпляра от вида *Barbus cyclolepis* от река Струмица (Македония), 18 проби от река Марица, 2 проби от язовир Доспат (България) и 5 проби от река Пиниос (Гърция). Общите мускулни протеини (миогени, саркоплазмени протеини) и шест ензима (ААТ, EST, MDH,

LDH, ME, SOD) бяха анализирани електрофоретично. На базата на протеинова гел-електрофореза и изоелектрично фокусиране (IEF) върху тънък полиакриламиден амфолинов гел бяха открити вътрешни различия сред популациите на *Barbus cyclolepis* от изследваните находища.

B.5. Idakieva, K., Chakarska, I., Ivanova, P., Tchobanov, A., Dobrovolov, I., Doumanova, L. 2009. Purification of hemocyanin from marine gastropod *Rapana thomasiana* using ammonium sulphate precipitation method. *Biotechnology & Biotechnological Equipment*, 23(3), 1364-1367. DOI: 10.1080/13102818.2009.10817671.

The aim of this study was to develop an efficient and simple method for isolation of preparative amounts of pure hemocyanin (Hc) from the hemolymph of the marine gastropod *Rapana thomasiana*. The methods that are usually used, as ultracentrifugation and column chromatography, are expensive and impractical for the large-scale production of Hc. For the ammonium sulfate precipitation method, the concentrated hemolymph was twice precipitated by 38% saturation with crystalline ammonium sulfate. *Rapana thomasiana* hemocyanin (RtH) was isolated with good yield and high purity, as assessed by gel chromatography, SDS-PAGE, transmission electron microscopy and absorption spectroscopy. This suggests that the ammonium sulfate precipitation is an efficient and useful purification method, suitable for a large-scale RtH preparation.

В.5. Идакиева, К., Чакарска, И., Иванова, П., Чобанов, А., Доброволов, И., Думанова, Л. 2009. Пречистване на хемоцианин от морския охлюв *Rapana thomasiana* с помощта на метод на утаяване с амониев сулфат. *Biotechnology & Biotechnological Equipment*, 23(3), 1364-1367. DOI: 10.1080/13102818.2009.10817671.

Целта на изследването е да се разработи ефикасен и лесен метод за изолиране на препаративни количества чист хемоцианин (Hc) от хемолимфата на рапана (*Rapana thomasiana*). Методите като ултрацентрофугиране и колонна хроматография, които обикновено се използват, са скъпи и непримени за широкомащабно производство на Hc. За метода на утаяване с амониев сулфат, концентрираната хемолимфа се утаява два пъти чрез 38% насищане с кристален амониев сулфат. Хемоцианинът от *Rapana thomasiana* (RtH) се изолира с добър добив и висока чистота, което е оценено чрез гел хроматография, SDS-PAGE, трансмисионна електронна микроскопия и абсорбционна спектроскопия. Това предполага, че утаяването с амониев сулфат е ефективен и полезен метод за пречистване, подходящ за широкомащабно приготвяне на хемоцианин (RtH).

B.6. Apostolou, A., Ivanova, P., Velkov, B., Vassilev, M., Dobrovolov, I., Dobrev, D. 2011. *Pomatoschistus marmoratus* (RISSO 1810), is it really a “new” species for the Bulgarian Ichthyofauna? *Acta Zoologica Bulgarica* 63(3): 289-294. ISSN: 0324-0770.

The genus *Pomatoschistus* is represented in Black Sea by 3 species. Comparison with older material solves the problem concerning the taxonomic status of *Pomatoschistus marmoratus* and its misidentification with *P. microps* by some authors in the past. In view to the lack of recent investigations concerning Bulgarian gobiid fauna, it is given a morphological and genetic-biochemical description of this species.

В.6. Апостолу А.,Иванова, П., Велков, Б., В. Velkov, Василев, М., Vassilev, Доброволов, И., Добрев, Д. 2011. “Нов” вид ли е за българската ихтиофауна вида *Pomatoschistus marmoratus* (RISSO 1810)? *Acta Zoologica Bulgarica* 63(3): 289-294. ISSN: 0324-0770.

Род *Pomatoschistus* е представен в Черно море с 3 вида. Сравнението с по-стар материал решава проблема относно таксономичния статус на *Pomatoschistus marmoratus* и погрешното му идентифициране с *P. microps* от някои автори в миналото. Поради липсата на скорошни изследвания върху фауната на българските попчета, е дадено морфологично и генетико-биохимично описание на този вид.

В.7. Atanassov, I., Ivanova, P., Panayotova, M., Tsekov, A., Rusanov. K. 2011. Mitochondrial control region DNA variation in turbot populations from the Bulgarian and Romanian Black Sea coasts. *Biotechnology & Biotechnological Equipment*, 25/4, ISSN: 2627-2633.

The mitochondrial control region /CR/ of 76 turbot specimens collected from the south and north Bulgarian and north Romanian regions of the west Black Sea coastal area was characterized. A total of 36 haplotypes were identified. Twenty-seven of these haplotypes were new and nine haplotypes were identical to previously reported Pmax haplotypes. The constructed haplotype parsimony network showed star-like phylogeny of the identified haplotypes, supporting the suggested Black Sea fish population bottleneck during the height of the last glacial period. The analysis of the haplotype sequences data did not provide clear indications on the existence of phylogeographic differentiation among the studied turbot populations inhabiting the west coast of the Black Sea. At the same time the haplotype phylogenetic analysis provided further support to the earlier proposed existence of two distinct turbot mitochondrial lineages, ‘western Mediterranean’ and ‘eastern secluded Mediterranean basins’. The present study offers an essential background for long term monitoring of the changes of the Black Sea turbot populations.

В.7. Атаносов, И., Иванова, П., Панайотова, М., Цекков, А., Русанов, К. 2011. Вариация на митохондриалния ДНК контролен регион в популации на калкана от българското и румънско черноморско крайбрежие. *Biotechnology & Biotechnological Equipment*, 25/4, ISSN: 2627-2633.

Анализиран е митохондриалният контролен регион (CR) на 76 екземпляра калкан, събрани от южните и северните български и севернорумънските райони на западното черноморско крайбрежие. Идентифицирани са общо 36 хаплотипа. Двадесет и седем от тях са нови, а девет са идентични със съобщените по-рано за калкана *P. maximus*. Конструираната хаплотипна мрежа показва звездовидна филогения на идентифицираните хаплотипове, подкрепяйки предполагаемото стеснение „bottleneck“ на черноморската рибна популация по време на последния ледников период. Анализът на данните за хаплотипните последователности не дава ясни индикации за наличието на филогеографска диференциация сред изследваните популации на калкана, обитаващи западния бряг на Черно море. В същото време филогенетичният анализ на хаплотиповете е в подкрепа на предложеното по-рано съществуване на две различни митохондриални линии на калкан, „западносредиземноморска“ и „източно изолирани средиземноморски басейни“. Настоящото изследване предлага съществена основа за дългосрочен мониторинг на промените в популациите на черноморския калкан.

B.8. Dobrovlov, I. S., Ivanova P. P., Georgiev Zh. M., Panayotova M. D., Raykov V. S., Nikolov, V.S. 2012. Allozyme variation and genetic identification of shad species (Pisces: Clupeidae, Genus *Alosa*) along the Bulgarian Black Sea coast. *Acta Zoologica Bulgarica*, 64 (2):175-183.

All Black Sea shads are listed in IUCN Red List as vulnerable species. The absence of correspondence between morphological and genetic features shows the complexity in genus *Alosa* taxonomy in Black Sea. To receive precise data for actual species status and respectively conservation of shads, the application of genetic methods are necessary. A comparison between two shad species (*A. immaculata* and *A. caspia*) from Bulgarian Black Sea coast and Danube River was carried out on the basis of genetic-biochemical analyses. Twelve enzymes (encoded by 27 loci) and general muscle proteins and haemoglobin (encoded by 43 loci) were investigated. Polymorphic variation in some loci as *HB-1**, *HB-2**, *PROT-1**, *PROT-2**, *PROT-3**, *ADH**, *EST-3**, *MDH-1**, *MEP-1**, *PGM-2** and *SDH** can be used for analyses of *Alosa immaculata* populations. Lactate dehydrogenase (LDH) is a species specific marker for distinguishing *A. immaculata* and *A. caspia*. Genetic markers such as: *6-PGDH*, *SOD* and *PROT* can be used to split the rare shad species (*A. spp*) found in Black Sea. Genetic distance ($D_{Nei} = 0.038$) between *A. immaculata* and *A. caspia* showed that they have quite recently diverged, while the distance between the two mentioned above species and *A. spp* was found to be higher ($D_{Nei} = 0.066$).

В.8. Доброволов, И. С., Иванова П. П., Георгиев, Ж., М., Панайотова М. Д., Райков, В. С., Николов, В. С. 2012. Алозимна вариация и генетична идентификация на карагъзови видове (Pisces: Clupeidae, род *Alosa*) по българското черноморско крайбрежие, *Acta Zoologica Bulgarica*, 64 (2):175-183.

Всички черноморски карагъзови са включени в Червения списък на IUCN като уязвими видове. Липсата на съответствие между морфологични и генетични особености показва сложността на таксономията на род *Alosa* в Черно море. За да се получат точни данни за действителното състояние на вида и съответно опазването на карагъзовите е необходимо прилагането на генетични методи. На базата на генетико-биохимични анализи е извършено сравнение между двата карагъзови вида (*A. immaculata* и *A. caspia*) от българското черноморско крайбрежие и река Дунав. Изследвани са 12 ензима (кодирани от 27 локуса), общи мускулни протеини и хемоглобин (кодирани от 43 локуса). Полиморфните вариации в някои локуси като *HB-1**, *HB-2**, *PROT-1**, *PROT-2**, *PROT-3**, *ADH**, *EST-3**, *MDH-1**, *MEP-1**, *PGM-2** и *SDH** могат да се използват за анализ на популациите на *Alosa immaculata*. Лактат дехидрогеназата (LDH) е видово специфичен маркер за разграничаване на *A. immaculata* и *A. caspia*. Генетични маркери като: *6-PGDH*, *SOD* и *PROT* могат да се използват за отдиферинциране на редки карагъзови видове (*A. spp*), открити в Черно море. Генетичното разстояние ($D_{Nei} = 0,038$) между *A. immaculata* и *A. caspia* показва, че те съвсем наскоро са дивергирали, докато разстоянието между двата споменати по-горе вида и *A. spp* е по-голямо ($D_{Nei} = 0,066$).

B.9. Panayotova, M., Raykov, V., Ivanova, P., Dobrovlov, I. 2012. Landings, distribution, size structure and genetics of Pontic shad (*Alosa immaculata* BENNETT, 1835) in the Bulgarian Black Sea area. *Journal of Environmental Protection and Ecology*, v.13, N 3A, 1856-1864.

Pontic shad is an economically important fish species targeted in the Bulgarian fisheries since 1925. Statistical data of catches show variation of quantities between 2 t (1970) and 439.19 t (1954) during the period 1925–2010. Regime shift in landings was observed in 1951–1955, when the average

catch reached maximum of 217.50 t. Seasonal distribution pattern of shad embraces both coastal and open sea areas where species is dispersed. Size structure of catches includes individuals with fork length between 9 and 35.5 cm. Due to difficulties in morphological identification of the shads in the Black Sea, the genetical markers found during the study give possibility to distinguish 2 species – *A. immaculata* and *A. caspia* in the Black Sea. Lactate dehydrogenase (LDH) and esterases (EST) are species specific markers for distinguishing *A. immaculata* and *A. caspia* in the Black Sea. Polymorphic variation in *MEP-2** locus by *A. immaculata* could be used for analyses of the Black Sea shad populations.

В.9. Панайотова, М., Райков, В., Иванова, П., Доброволов, И., 2012. Разтоварвания, разпространение, размерна структура и генетика на карагъза (*Alosa immaculata* BENNETT, 1835) по Българското Черноморие. *Journal of Environmental Protection and Ecology*, v.13, N 3A, 1856-1864.

Карагъзът е икономически важен вид риба, обект на българския риболов от 1925 г. Статистическите данни за уловите показват вариране на количествата между 2 т. (1970 г.) и 439,19 т. (1954 г.) за периода 1925–2010 г. Смяна на режима на разтоварване се наблюдава през 1951–1955 г., когато средният улов достига максимум от 217,50 т. Моделът на сезонно разпространение на карагъзовите обхваща както крайбрежните, така и откритите морски зони, където видовете са разпръснати. Размерната структура на улова включва индивиди с дължина до развилката между 9 и 35,5 cm. Поради трудностите при морфологичната идентификация на карагъзовите в Черно море, установените по време на изследването генетични маркери дават възможност да се разграничат два вида – *A. immaculata* и *A. caspia* в Черно море. Лактатдехидрогеназата (LDH) и естеразите (EST) са видово специфични маркери за отдифиниране на *A. immaculata* и *A. caspia* в Черно море. Полиморфната вариация в *MEP-2** локуса при *A. immaculata* може да се използва за анализи на черноморските популации на карагъзовите.

ПОКАЗАТЕЛ Г 7. НАУЧНИ ПУБЛИКАЦИИ В ИЗДАНИЯ, КОИТО СА РЕФЕРИРАНИ И ИНДЕКСИРАНИ В СВЕТОВНОИЗВЕСТНИ БАЗИ ДАННИ С НАУЧНА ИНФОРМАЦИЯ (WEB OF SCIENCE И SCOPUS).

Г.7.1. Raykov, V., Panayotova, M. Ivanova, P., Dobrovolev, I., Maximov, V. 2012. First record and allozyme data of European mudminnow *Umbra krameri* Walbaum, 1792 (Pisces: Umbridae) in the Black Sea. *Comptes Rendus de L'Academie Bulgare des Sciences*, v.65 (1), 49-53.

The European mudminnow (*Umbra krameri*) is listed in the category of the most endangered fish species in Europe, included in the IUCN Red List as vulnerable species and protected from Bern Convention. Information about the distribution of *Umbra krameri* surviving population is important for the species protection. This paper is the first record of this species in the Black Sea. Morphometric and genetical analyses of the general muscle proteins and six enzyme systems using starch gel electrophoresis were carried out. Eighteen protein loci were analysed and species specific markers were found. The genetic markers found could be used for the species determination and conservation.

Г.7.1. Райков, В., Панайотова, М., Иванова, П., Доброволов, И., Максимов, В. V. 2012. Първо съобщение и алозимни данни за европейската умбра *Umbra krameri* Walbaum, 1792 (Рибн: Umbridae) в Черно море. *Comptes Rendus de L'Academie Bulgare des Sciences*, v.65 (1), 49-53.

Видът европейска умбра (*Umbra krameri*) принадлежи към категорията на най-застрашените видове риби в Европа, включена в Червения списък на IUCN като уязвим вид и защитена от Бернската конвенция. Информацията за разпространението на *Umbra krameri* е важна за опазването на вида. Тази статия е първото съобщение за този вид в Черно море. Извършени са морфометрични и генетични анализи на общите мускулни протеини и шест ензимни системи с помощта на електрофореза. Анализирани са осемнадесет протеинови локуса и са открити специфични за вида маркери. Установените генетични маркери биха могли да се използват за определяне и опазване на вида.

Г.7.2. Ivanova, P., Dobrovolev I., Apostolou A., Vasilev M., Velkov B., Dobrev D. 2013. Protein biomarkers for identification of some Gobiid species (Actinopterygii: Gobiidae) along the Bulgarian Black Sea Coast. *Acta Zoologica Bulgarica* 65(4): 429-438.

A comparison between twelve gobiid species from the Black Sea coast, coastal lakes and rivers was carried out on the basis of genetic-biochemical analysis (starch gel electrophoresis and isoelectric focusing on thin and ultrathin gel plates). Eleven enzymes and one non-enzyme protein system on starch gel (encoded by 29 loci) and general muscle protein loci on IEF (encoded by 22 loci) were studied. A single registered case of interspecies hybridization between *Neogobius* (Apollonia) *fluviatilis* and *Neogobius* *syрман* in Mandra Lake is proof that hybridization among this group happens only accidentally because of the fact that gobies exhibit parental care toward the eggs. First data for genetic-biochemical characteristics of *Knipowitschia longicaudata* are reported. Genetic distances ($D_{Nei} = 1.10$) between *Knipowitschia caucasica* and *K. longicaudata* showed species specific differences. Genetical markers found for both species can be used for fast and precise identification. The received data are useful for the assessment of population status, taking into consideration that both species are threatened with extinction. Polymorphism on *EST-3**, *EST-4**, *LDH-B**, *sMEP-1**, *sMEP-2** and *MDH-1** loci can be used for the assessment of population infrastructure of *Neogobius* (Apollonia) *melanostomus*, *Gobius niger*, *Pomatoschistus marmoratus* and *K. caucasica*. The mobility of electrophoretical patterns of LDH*B

locus were used as markers in determining the genus status of *Gobius ophiocephalus*. The hypothesis that *N. fluviatilis* and *N. melanostomus* belong to the subgenus *Apollonia* was confirmed using *LDH-B** locus as a genetic/biochemical marker. The four new enzymic systems (*ADH*, *GPI*, *GLUDH* and *G3PDH*) applied in the gobiid taxonomy gave species-specific spectra and can be used successfully as protein biomarkers. Their significance for the precise identification of species and populations, especially of those with minor morphological differences, as well as for the study of invasion pathways can increase in the future. Taxonomic investigations based on genetic analyses will contribute to biodiversity protection and conservation, to restoration and conservation of vulnerable gobiid populations and to sustainable fishery.

Г.7.2. Иванова, П., Доброволов, И., Апостолу, А., Василев, М., Велков, Б., Добрев, Д. 2013. Протеинови биомаркери за идентифициране на някои видове попчета (*Actinopterygii: Gobiidae*) по българското черноморско крайбрежие. *Acta Zoologica Bulgarica* 65(4): 429-438.

На базата на генетико-биохимичен анализ (скорбелна гел-електрофореза и изоелектрично фокусиране върху тънки и ултратънки гелове) е извършено сравнение между дванадесет вида попчета от Черноморското крайбрежие, крайбрежните езера и реки. Изследвани са единадесет ензима и една неензимна протеинова система върху скорбелен гел (кодиран от 29 локуса) и общите мускулни протеинови локуси чрез изоелектрично фокусиране (кодирани от 22 локуса). Регистриран е един случай на междувидова хибридизация между *Neogobius* (*Apollonia*) *fluviatilis* и *Neogobius* *syрман* в езерото Мандра е доказателство, че хибридизацията сред тази група е случайна, поради факта, че попчетата проявяват родителска грижа към яйцата. Съобщават се първи данни за генетико-биохимичните характеристики на *Knipowitschia longicaudata*. Генетичните разстояния ($D_{Nei} = 1.10$) между *Knipowitschia caucasica* и *K. longicaudata* показват специфични за вида разлики. Установените генетични маркери и за двата вида могат да се използват за бърза и точна идентификация. Получените данни са от значение за оценката на състоянието на популацията, като се има предвид, че и двата вида са застрашени от изчезване. Полиморфните локуси *EST-3**, *EST-4**, *LDH-B**, *sMEP-1**, *sMEP-2** и *MDH-1** могат да се използват за оценка на популационната инфраструктура на *Neogobius* (*Apollonia*) *melanostomus*, *Gobius niger*, *Pomatoschistus marmoratus* и *K. caucasica*. Подвижността на електрофоретичните фракции на *LDH*B* локуса се използва като маркер при определяне на родовия статус на вида *Gobius ophiocephalus*. Хипотезата, че *N. fluviatilis* и *N. melanostomus* принадлежат към подрод *Apollonia*, беше потвърдена с помощта на *LDH-B** локуса като генетико-биохимичен маркер. Четирите нови ензимни системи (*ADH*, *GPI*, *GLUDH* и *G3PDH*), приложени в таксономията на попчетата, показаха специфични за вида спектри и могат успешно да се използват като протеинови биомаркери. Тяхното значение за прецизното идентифициране на видове и популации, особено на тези с незначителни морфологични разлики, както и за изследване на пътищата на инвазия се очаква да се увеличи в бъдеще. Таксономичните изследвания, базирани на генетични анализи, ще допринесат за опазването на биоразнообразието, за възстановяването и опазването на уязвимите популации на попчетата и за устойчивия риболов.

Г.7.3. Ivanova, P., Trichkova T., Dobrovolov I., Nikolov V. 2013. Allozyme analysis of gibel carp *Carassius gibelio* (Bloch, 1782) populations in Bulgaria. *Bulgarian Journal of Agricultural Science*, 19 (6): 1408–1415, ISSN: 1310-0351.

Genetic diversity among 10 populations of gibel carp *Carassius gibelio* in Bulgaria were analyzed using general muscle proteins and five enzymes (encoded by 16 loci) as markers. All of the six systems investigated indicated polymorphism and nine polymorphic loci (*PROT-3**, *EST-1**, *EST-2**, *sMDH-2**, *sMDH-3**, *mMEP**, *sMEP**, *LDH-B*1* and *SOD**) were detected. These loci were encoded by codominant alleles and their inheritance patterns were analyzed. The gene frequencies of polymorphic loci can be used as genetic markers for distinguishing of gibel carp populations in Bulgaria. The analyses of genetic distances between the populations of *C. gibelio* indicated a natural dispersal and/ or deliberate introduction of this invasive species from the Danube River basin to the other inland water bodies in Bulgaria.

Г.7.3. Иванова, П., Тричкова Т., Добраволов, И., Николов, В. 2013. Алозимен анализ на популациите на сребристата каракуда *Carassius gibelio* (Bloch, 1782) в България. *Bulgarian Journal of Agricultural Science*, 19 (6): 1408–1415, ISSN: 1310-0351.

Генетичното разнообразие сред 10 популации на сребристата каракуда (*Carassius gibelio*) в България е анализирано с помощта на общите мускулни протеини и пет ензимни системи (кодирани от 16 локуса) като маркери. Всичките шест изследвани системи показват полиморфизъм и са открити девет полиморфни локуса (*PROT-3**, *EST-1**, *EST-2**, *sMDH-2**, *sMDH-3**, *mMEP**, *sMEP**, *LDH-B*1* и *SOD**). Тези локуси са кодирани от кодоминантни алели и е анализирано техното унаследяване. Генните честоти на полиморфните локуси могат да се използват като генетични маркери за разграничаване на популациите на сребристата каракуда в България. Анализите на генетичните разстояния между популациите на *C. gibelio* показват естествено разпространение и/или умишлено въвеждане на този инвазивен вид от басейна на река Дунав в другите вътрешни водоеми на България.

Г.7.4. Yankova, M., Pavlov D., Ivanova P., Karpova E., Boltachev A., Öztürk B., Bat L., Oral M., Mgeladze M. 2014. Marine fishes in the Black Sea: recent conservation status. *Mediterranean Marine Sciences*, v.15, 366-379.

A revised checklist of the fish fauna of the Black Sea is reported. This paper is the first attempt to present an actual Check List of the fishes in the Black Sea according to the data available in Black Sea countries, as well as their current conservation status, enlisted in IUCN. The total number of Black Sea fish species is 189. Concerning the conservation status, only two species (1.06 %) are extinct (*Acipenser nudiventris* and *A. sturio*), 3.70 % are critically endangered, 16.40 % are vulnerable, 1.06% are endangered; for 10.58 % there is a lack of data, 26.46% has been classified in the category “Least concern”, 2.65 % are “Near threatened” and 38. 10% are “Not evaluated”.

Г.7.4. Янкова, М., Павлов, Д., Иванова, П., Карпова, Е., Болтачев, А., Озтюрк, Б., Бат, Л., Орал, М., Мгелядзе, М. 2014. Риби в Черно море: съвременен природозащитен статус. *Mediterranean Marine Sciences*, v.15, 366-379.

Представен е ревизиран списък на рибната фауна на Черно море. Тази статия е първият опит да се представи актуален списък на рибите в Черно море според наличните данни в

черноморските страни, както и текущия им природозащитен статус, вписан в IUCN. Общият брой на черноморските видове риби е 189. По отношение на природозащитния статус само два вида (1,06 %) са изчезнали (*Acipenser nudiiventris* и *A. sturio*), 3,70 % са критично застрашени, 16,40 % са уязвими, 1,06 % са застрашени; за 10,58% липсват данни, 26,46% са класифицирани в категорията „незастрашен“, 2,65% са „близо до застрашаване“ и 38,10% са „неоценени“.

Г.7.5. Turan, C., Gurlek., M., Erguden, D., Yaglioglu, D., Uyan, A., Reyhaniye, N., Ozbalcilar, B., Ozturk, B., Erdogan, Z. A., Ivanova, P. , Soldo, A. 2015. Population genetic analysis of atlantic bonito *Sarda sarda* (BLOCH, 1793) using sequence analysis of mtDNA D-LOOP region, FEB/ Vol 24, No 10: 3148 – 3154.

In this study mitochondrial DNA D-loop gene sequencing was used to investigate genetic structure of 11 Atlantic bonito *Sarda sarda* populations from the Black Sea, Marmara, Aegean, Mediterranean Seas and Adriatic Sea. The total sequence length, variable sites and parsimony informative sites were 868 bp, 12 bp and 7 bp from 222 individuals, respectively. The nucleotide frequencies were 32.55% A, 31.32% T, 14.44% C, and 21.68% G. The total number of haplotypes was 19, and the highest number of different haplotypes was observed in the nortestern Mediterranean (the Iskenderun Bay) sample, and the lowest was observed in the Bulgarian sample. Low genetic diversity was observed within populations, and the mean genetic diversity within populations and the mean genetic divergence between populations were 0.0009 and 0.0013, respectively. In the statistical analysis, *S. sarda* was divided into three genetically different populations ($P < 0.001$); the Black and Marmara Sea populations comprise one genetic unit, and the Aegean and Mediterranean coast of Turkey populations constitute the genetically different second unit. The Adriatic Sea population from Croatian coast was also genetically different from these two units. The neighbor joining tree revealed three main phylogenetic nodes; in the first node, the Black Sea, Bosphorus and Marmara Sea samples were grouped close together. In the second main node; the Aegean and northeastern Mediterranean Seas samples were clustered close to each other, and the Adriatic Sea sample was far from these samples, but closer to the Aegean and northeastern Mediterranean samples than the Black Sea and Marmara Sea samples.

Г.7.5. Туран, Дж., Гурлек, М., Ергуден, Д., Яжвиоглу, Д., Уян, А., Рейхание, Н., Озбалчилар, Б., Озтюрк, Б., Ердоган, З. А., Иванова, П., Солдо, А. 2015. Популяционен генетичен анализ на паламуда *Sarda sarda* (BLOCH, 1793) с използване на анализ на последователността на mtDNA D-LOOP регион, FEB/ Vol 24, No 10: 3148 – 3154.

В това изследване секвенирането на D-loop гена на митохондриална ДНК беше използвано за изследване на генетичната структура на 11 популации на паламуда *Sarda sarda* от Черно, Мраморно, Егейско, Средиземно и Адриатическо морета. Общата дължина на секвенциите, вариабилните сайтове и parsimony информативните сайтове бяха съответно 868 bp, 12 bp и 7 bp от 222 индивида. Нуклеотидните честоти бяха 32,55% А, 31,32% Т, 14,44% С и 21,68% G. Общият брой хаплотипове беше 19. Най-голям брой различни хаплотипове е наблюдаван в пробата от североизточното Средиземноморие (залива Искендерун), а най-малък - в българската извадка. Наблюдава се малко генетично разнообразие в популациите, а средното генетично разнообразие в популациите и средната генетична дивергенция между тях бяха съответно 0,0009 и 0,0013. При статистическия анализ видът *S. sarda* е разделен на три генетично различни популации ($P < 0.001$); популациите на Черно и Мраморно море съставляват една генетична единица, а популациите на Егейско море и Средиземноморско крайбрежие на Турция представляват генетично различна

втора единица. Популацията от Адриатическо море (хърватския бряг) също е генетично различна от тези две единици. Филогенетичното дърво (neighbor joining tree) разкри три основни таксономични групи; първата включва пробите от Черно море, Босфора и Мраморно море, групирани близо една до друга. Във втората основна група са пробите от Егейско море и североизточното Средиземноморие, които се клъстерират близо една до друга, а пробата от Адриатическо море е по-близо втората група, отколкото до първата.

Г.7.6. Raykov, V., Yankova, M., Ivanova, P., Trayanova, A. 2016. State of some commercially important fish populations in Natura 2000 zones of Bulgarian Black Sea Area. *Journal of Environmental Protection and Ecology*, 17, 4, Scibulcom ltd, 1375-1384, ISSN: 1311-5065.

Methodology for monitoring of fish fauna in Black Sea was developed. This methodology applies to all fish species monitored to the national system for monitoring biodiversity. Status assessment is carried out in three groups of parameters relevant population data, data distribution and data threats. Analysis of the resulting data is based on tracking the trends of changing the values of various parameters in different years. Species, for which no reference values for such adopt monitoring data exist in the first year, are subject to revision every ten years. Additional monitoring sites were proposed in this project in order to reach the sufficiency of data to assess at geographic (only for species that are reported under Art. 17 of the Habitats Directive) and national level. Such species in Black Sea is Pontic Shad (*Alosa immaculata* Bennett, 1835). Additional research on growth patterns, migration routes, spawning and feeding areas of this anadromous species with special interest under Habitat Directive is of high importance.

Г.7.6. Raykov, V., Yankova, M., Ivanova, P., Trayanova, A. 2016. Състояние на някои стопански ценни рибни популации в Натура 2000 зоните по Българското Черноморие. *Journal of Environmental Protection and Ecology*, 17, 4, Scibulcom ltd, 1375-1384, ISSN: 1311-5065.

Разработена бе методика за мониторинг на рибната фауна в Черно море. Тази методика се прилага за всички видове риби, наблюдавани в националната система за мониторинг на биоразнообразието. Оценката на състоянието се извършва в три групи параметри, свързани с данни за популацията, разпространението и заплахите. Анализът на получените данни се основава на проследяване на тенденциите на промяна на стойностите на различни параметри през различните години. Видове, за които няма референтни стойности за приемане на данни от мониторинга през първата година, подлежат на ревизия на всеки десет години. В този проект бяха предложени допълнителни обекти за мониторинг, за да се достигнат достатъчни данни за оценка на географско (само за видове, които се докладват съгласно чл. 17 от Директивата за местообитанията) и национално ниво. Такъв вид в Черно море е карагъзът (*Alosa immaculata* Bennett, 1835). От голямо значение са допълнителните изследвания на моделите на растеж, миграционните пътища, зоните за хвърляне на хайвера и храненето на този анадромен вид, със специален интерес съгласно Директивата за местообитанията.

Г.7.7. Apostolou, A., Ivanova, P., Velkov, B., Vasilev, M. 2016. Ecological Plasticity of *Apollonia melanostomus* (Pisces, Gobiidae) from its main habitat types in Bulgaria. *Ecologica Balkanica*, vol. 8, issue 2: 43-52.

Three native populations of *A. melanostomus* from different Bulgarian habitats were analysed, in view to their morphologic, biochemical-genetic variability and resistance in salinity alterations.

Freshwater specimens can survive when fresh water (0‰) is changed rapidly by Black Sea water (16-18‰) and marine vice-versa. In view of the salinity resistance *A. melanostomus* is evaluated as tolerant. Eleven non-enzymatic and 16 enzymatic loci were tested as genetic markers for population identification. Most of them were monomorphic for all populations analysed, with exception of esterases and malate dehydrogenase. These two polymorphic enzyme systems could be used for further analyses of population structure of *A. melanostomus*. The genetic diversity D_{Nei} compared between three populations was low - 0.005-0.016 and the sample from Durankulak occurred to be more genetically divergent. The morphological and biochemical-genetic variability characteristics of the studied populations do not show correlation, but independently vary according to different environmental factors.

Г.7.7. Апостолу, А., Иванова, П., Велков, Б., Василев, М. 2016. Екологична пластичност на *Apollonia melanostomus* (Pisces, Gobiidae) от основните му местообитания в България. *Ecologica Balkanica*, vol. 8, Issue 2: 43-52.

Анализирани са три местни популации на *A. melanostomus* от различни български местообитания с оглед на тяхната морфологична, биохимико-генетична изменчивост и устойчивост на промени на солеността. Сладководните екземпляри могат да оцелеят, когато солеността на сладката вода (0‰) се променя бързо до тази на черноморската вода (16-18‰) и обратно. С оглед устойчивостта на промяната в солеността видът *A. melanostomus* се оценява като толерантен. Единадесет неензимни и 16 ензимни локуса бяха тествани като генетични маркери за идентифициране на популацията. Повечето от тях са мономорфни за всички анализирани популации, с изключение на естеразите и малат дехидрогеназата. Тези две полиморфни ензимни системи могат да се използват за по-нататъшни анализи на популационната структура на *A. melanostomus*. Установена е ниска степен на генетично разнообразие, D_{Nei} при сравнение на трите популации варира в границите между 0.005 и 0.016, а екземплярите от Дуранкулак са генетично по-различни. Морфологичната и биохимико-генетичната вариабилност на изследваните популации не показват корелация, а независимо една от друга варират според различните фактори на средата.

Г.7.8. Ivanova, P. P., Raykov, V., Nikolov, V., Nenciu, M., 2017. Allozyme identification of the wrasses species (Osteichthyes: Perciformes: Labridae) along the Bulgarian Black Sea coast. *Journal of Environmental Protection and Ecology (JEPE)*, 18, 3, ISSN:1311-5065, 940-946.

All wrasses species, described for the Bulgarian Black Sea coast are listed in IUCN Red List of threatened species with last concern (LC) category. A comparison between five wrasses species along the Bulgarian Black Sea coast was carried out on the basis of allozyme analyses. One non-enzymatic and five enzyme systems were used as genetical markers for species identification. The mobility of electrophoretical patterns of *LDH*B* locus was applied as marker for distinguishing on genus *Symphodus* (*Crenilabrus*) and *Ctenolabrus*. From wrasses species analysed only goldsinny wrasse belongs to different genus *Ctenolabrus*, which was proved with genetic data. Taxonomic investigations based on genetic analyses will contribute to biodiversity protection, restoration and conservation of wrasses populations. The preliminary data, based on the number of samples analysed, showed that *S. tinca* and *C. rupestris* have rare distribution along Bulgarian Black Sea coast and could be proposed as vulnerable species.

Г.7.8. Иванова, П. П., Райков, В., Николов, В., Ненчу, М., 2017. Алозимна идентификация на видове зеленушки (Osteichthyes: Perciformes: Labridae) по българското черноморско крайбрежие. *Journal of Environmental Protection and Ecology (JEPE)*, 18, 3, ISSN:1311-5065, 940-946.

Всички видове зеленушки, описани за българското черноморско крайбрежие, са включени в Червения списък на IUCN на застрашените видове в категория (LC). На базата на алозимен анализ е извършено сравнение между пет вида зеленушки по Българското Черноморие. Една неензимна и пет ензимни системи бяха използвани като генетични маркери за идентифициране на видовете. Подвижността на електрофоретичните фракции на *LDH*B* локуса беше приложена като маркер за разграничаване на род *Symphodus* (*Crenilabrus*) и *Stenolabrus*. От анализиранияте видове зеленушки само лапината принадлежи към различен род *Stenolabrus*, което е доказано с генетични данни. Таксономичните изследвания, базирани на генетични анализи, ще допринесат за опазването на биоразнообразието, възстановяването и опазването на популациите на зеленушките. Предварителните данни, базирани на броя на анализиранияте проби, показват, че *S. tinca* и *S. rupestris* са рядко разпространени по българското черноморско крайбрежие и могат да бъдат предложени като уязвими видове.

Г.7.9. Ivanova, P. P., Trayanova, A., Stefanova, K., Stefanova, E., Raykov, V., Doncheva, V. 2017. Population status of some alien species in Varna Bay, Bulgarian Black Sea coast (2015-2016). *Acta Zoologica Bulgarica*, 9, 73-83, ISSN: 0324-0770.

The introduction of alien species is a severe threat to marine environments. Enclosed or semi-enclosed ecosystems, as the Black Sea, seem particularly sensitive to biological invasions. With the increased shipping traffic, aquaculture and trade, the Black Sea has become a major recipient of alien species. A total of 80 species of different eco-functional groups were listed as alien in the Bulgarian Black Sea coastal waters. The aim of our study was to assess the population status of six alien species (four zooplankton, one benthic invertebrate and one fish species) in Varna Bay, the Bulgarian Black Sea coast, in the period 2015-2016. Two copepod alien species played a significant role in the mesozooplankton community structure, with a maximum share of 62% of the overall abundance in spring-summer for *Acartia tonsa* and summer-autumn for *Oithona davisae*. Large aggregates of the ctenophore species *Mnemiopsis leidyi* formed 'hot spots' along the coast during summer with a maximum of 516 ind. m⁻² in September 2015, followed by high abundance of *Beroe ovata* (107 ind. m⁻²) in October 2015. The average values of the shell length and total weight of the rapa whelk (*Rapana venosa*) were the lowest on shallow rocky bottom (5.89 cm and 22.27 g, respectively) and the highest at 21 m depth on silty sediments (6.84 cm and 55.13 g, respectively). The biomass of *R. venosa* ranged between 2.16 kg km⁻² and 19.28 kg km⁻², being the highest at sandy locations and the lowest at sandy-silty locations, both sampled by dredge. Fulton's condition factor ranged from 2.33 to 9.20. The catches of the alien redlip mullet (*Liza haematocheila*) in Varna Bay in the studied period were sporadic. According to information about catches for the period 2008-2016 and our observations, the species has become rare along the Bulgarian coast. A drastic reduction in its stock was observed from a maximum catch of 1.923 t in 2009 to 0.075 t in 2016.

Г.7.9. Иванова, П. П., Траянова, А., Стефанова, К., Стефанова, Е., Райков, В., Дончева, В. 2017. Състояние на популациите на някои чужди видове във Варненския залив, българско черноморско крайбрежие (2015-2016). *Acta Zoologica Bulgarica*, 9, 73-83, ISSN:0324-0770.

Въвеждането на чужди видове е сериозна заплаха за морската среда. Затворени или полузатворени екосистеми, като Черно море, изглеждат особено чувствителни към биологични инвазии. С повишаване на корабоплаването, аквакултурата и търговията, Черно море се превърна в основен приемник на чужди видове. Общо 80 вида от различни екофункционални групи са посочени като чужди в българските черноморски крайбрежни води. Целта на нашето изследване беше да се оцени състоянието на популациите на шест чужди вида (четири зоопланктонни, един бентосен и един вид риба) във Варненския залив, през периода 2015-2016 г. Два чужди вида копеподи играят значителна роля в структурата на мезозоопланктонното съобщество, с максимален дял от 62% от общото обилие през пролетта и лятото (*Acartia tonsa*) и през лятно-есенения период (*Oithona davisae*). Големи струпвания от ктенофората *Mnemiopsis leidy* образуват „горещи точки“ по крайбрежието през лятото с максимум 516 инд. m⁻² през септември 2015 г., последвано от високо обилие на *Beroe ovata* (107 екз. m⁻²) през октомври 2015 г. Средните стойности на дължината на черупката и общото тегло на рапана (*Rapana venosa*) са били най-ниски на плитко скалисто дъно (5,89 cm и 22,27 g, съответно) и най-високи на 21 m дълбочина върху тинести седименти (6,84 cm и 55,13 g, съответно). Биомасата на *R. venosa* варира между 2,16 kg km⁻² и 19,28 kg km⁻², като е най-висока на пясъчливи и най-ниска на пясъчно-наносени местообитания, като пробонабирането и в двата случая е с драги. Кондиционният фактор на Фултън варира от 2,33 до 9,20. Уловът на инвазивния вид далекоизточен кефал (*Liza haematocheila*) във Варненския залив в изследвания период са спорадични. Според информация за улова за периода 2008-2016 г. и по наши наблюдения видът е рядък по българското крайбрежие. Драматично намаляване на запасите му се наблюдава от максимален улов от 1,923 т. през 2009 г. до 0,075 т. през 2016 г.

Г.7.10. Dzhebekova, N., Urusizaki, S., Moncheva, S., Ivanova, P., Nagai, S. 2017. Applicability of massively parallel sequencing on monitoring harmful algae at Varna Bay in the Black Sea. *Harmful Algae*, 68, 40-51, DOI:10.1016/j.hal.2017.07.004.

In this study the plankton diversity in 13 environmental samples from Varna Bay (in the western Black Sea) was analyzed using massively parallel sequencing (MPS). This preliminary study was undertaken to assess the potential of this technology for future implementation in monitoring programs in the Black Sea. Amplicon sequences of the 18S rRNA gene (V4-5 regions) were obtained using the Illumina MiSeq 250PE platform. A total of 1137 operational taxonomic units (OTUs) were obtained among which 242 OTUs with >0.990 BLAST top hit similarity (21.3% of all detected OTUs) closely related to sequences belonging to - protists. A large portion (175 OTUs = 72.3%) was identified at the species levels, including species typical for the Bulgarian Black Sea plankton community, as well as many that haven't been reported earlier in the Bulgarian Black Sea coast (124 OTUs = 51.2%). Dinoflagellates were represented by the highest species number (77 OTUs comprising 31.8% of protist species), with dominant genera Gyrodinium and Heterocapsa. The present survey revealed the presence of 12 species listed as harmful, some of which have been previously overlooked, such as *Cochlodinium polykrikoides*, *Karenia bicuneiformis*, and *Karlodinium veneficum*. Species identification was possible for 10.3–36.0% of the detected OTUs in the six major supergroups. The frequency in Rhizaria was significantly lower than that in other major groups ($p < 0.05-0.01$), implying difficulties in the classification from morphology-based observations. The metagenetic data had an insufficient resolution of the 18S rRNA gene for species identification in many genera. These issues may hamper the implementation of MPS-based surveys for plankton monitoring, especially for detecting harmful algal blooms (HAB). The sequencing technology is steadily improving and it is expected that sequence length

and quality issues will be resolved in the near future. The ongoing efforts to register taxonomic information and quality controls in the international nucleotide sequence databases (INSDs) will be essential for improving taxonomic identification power.

Г.7.10. Джембекова, Н., Урусизаки, С., Мончева, С., Иванова, П., Нагаи, С. 2017. Приложимост на масивното паралелно секвениране при мониторинг на „вредни“ водорасли във Варненския залив в Черно море. *Harmful Algae*, 68, 40-51, DOI:10.1016/j.hal.2017.07.004.

В това изследване е анализирано разнообразието на планктона в 13 проби от Варненския залив (в западната част на Черно море) с помощта на масивно паралелно секвениране (MPS). Това предварително проучване беше проведено, за да се оцени потенциалът на тази технология за бъдещо включване в програми за мониторинг в Черно море. Ампликонови последователности на 18S rRNA гена (V4-5 области) бяха получени с помощта на платформата Illumina MiSeq 250PE. Бяха получени общо 1137 оперативни таксономични единици (OTUs), сред които 242 OTUs с >0,990 BLAST top hit сходство (21,3% от всички открити OTUs), тясно свързани с последователности, принадлежащи на протисти. Голяма част (175 OTUs = 72,3%) са идентифицирани на видово ниво, включително видове, типични за българското черноморско планктонно съобщество, както и много, които не са били съобщавани по-рано за българското черноморско крайбрежие (124 OTUs = 51,2 %). Динофлагелатите бяха представени от най-голям брой видове (77 OTUs, включващи 31, 8% от вида протисти), с доминиращи родове Gyrodinium и Heterosarsa. Настоящото проучване разкри наличието на 12 вида, посочени като вредни, някои от които (*Cochlodinium polykrikoides*, *Karenia bicuneiformis* и *Karlodinium veneficum*) не са били съобщавани по-рано за българската акватория на Черно море. Идентифицирането на видовете е възможно за 10,3–36,0% от откритите OTU в шестте основни супергрупи. Честотата при Rhizaria е значително по-ниска от тази в други големи групи ($p < 0.05-0.01$), което предполага трудности при класификацията, базирана на морфологичните наблюдения. Метагенетичните данни имат недостатъчна разделителна способност по отношение на 18S rRNA гена за идентифициране на видове в много родове. Тези проблеми могат да възпрепятстват прилагането на базирани на MPS проучвания за мониторинг на планктона, особено за откриване на вредни цъфтежи на водорасли (НАВ). Технологията за секвениране постоянно се подобрява и се очаква проблемите с дължината и качеството на секвенциите да бъдат разрешени в близко бъдеще. Продължаващите усилия за регистриране на таксономична информация и контрол на качеството в международните бази данни за нуклеотидни последователности (INSD) ще бъдат от съществено значение за подобряване на таксономичната идентификация.

Г.7.11. Karachle, P. K., Corsini Foka, M., Crocetta, F., Dulčić, J., Dzhembekova, N., Galanidi, M., Ivanova, P., Shenkar, N., Skolka, M., Stefanova, E., Stefanova, K., Surugiu, V., Uysal, I., Verlaque, M., Zenetos, A. 2017. Setting-up a billboard of marine invasive species in the ESENIAS area: current situation and future expectancies. *Acta Adriatica*, 58(3): 429 – 458.

In this study we present a list of invasive/potential invasive alien species in the East and South European Network for Invasive Alien Species (ESENIAS) countries with marine borders. The species were classified according to the existing literature and experts' judgment, as established, casual, invasive and expected. Finally, factsheets were compiled for ten species of high importance based on their expanding/invasive character. Of the 160 species comprising the list, 149 were already present in the ESENIAS countries, while eleven were invasive species either present in the Mediterranean or in other

European Seas, likely to be recorded in the ESENIAS countries. The majority of the species were of Red Sea/Indo-Pacific origin (97 species; 60.6%). Italy, Turkey and Greece were the countries with the highest representation of species (159, 152 and 139 species respectively), due to their extended coastline and the number of scholars working on marine invasive species. The highest number of established species was recorded in Turkey (116 species), whereas in Italy and Greece the most numerous species were the “expected” ones (85 and 48 species, respectively). The eastern Adriatic Sea countries (i.e. Albania, Croatia, Montenegro and Slovenia) had generally low numbers of species in this list, many of which are still “expected” to arrive from the neighbouring countries of Greece and Italy. Finally, the most frequently potential pathway was transfer stowaways (ship ballast water: 41 cases; ship hull fouling: 55), whereas unaided spread of Lessepsian immigrants followed (95 cases). This list is intended to serve as an early warning system that through horizon scanning process would assist ESENIAS countries to prioritise invasive alien species, their pathways and the areas of higher likelihood to appear, in order to take management measures.

Г.7.11. Карачле, П. К., Корсини, Ф., М., Крочета, Ф., Дулчич, Дж., Джембекова, Н., Галаниди, М., Иванова, П., Шенкар, Н., Сколка, М., Стефанова, Е., Стефанова, К., Суругиу, В., Уйсал, И., Верлаке, М., Зенетос, А. 2017. Поставяне на „билборд“ за морски инвазивни видове в района на ESENIAS: текуща ситуация и бъдещи очаквания. *Acta Adriatica*, 58(3): 429 – 458.

В това проучване ние представяме списък на инвазивни/потенциално инвазивни чужди видове в страните от източно- и южноевропейската мрежа за инвазивни чужди видове (ESENIAS) с морски граници. Видовете бяха класифицирани според съществуващата литература и преценката на експертите като установени, случайни, инвазивни и очаквани. Съставени бяха информационни листове за десет вида с голямо значение въз основа на техния разширяващ се / инвазивен характер. От 160 вида, съставляващи списъка, 149 вече присъстват в страните от ESENIAS, докато единадесет са инвазивни видове, присъстващи или в Средиземно море, или в други европейски морета, и вероятно ще бъдат регистрирани в страните от ESENIAS. По-голямата част от видовете са с произход от Червено море/Индийския и Тихия океан (97 вида; 60,6%). Италия, Турция и Гърция са страните с най-голямо представителство на видовете (съответно 159, 152 и 139 вида), поради тяхната разширена брегова линия и броя на учените, работещи върху морски инвазивни видове. Най-много установени видове са регистрирани в Турция (116 вида), докато в Италия и Гърция най-много са „очакваните“ видове (съответно 85 и 48 вида). Страните от източната част на Адриатическо море (Албания, Хърватия, Черна гора и Словения) като цяло имат малък брой видове в този списък, много от които все още се „очакват“ да навлязат от съседните страни Гърция и Италия. Най-честият потенциален път за трансфер е чрез баластните води на корабите в 41 случая, обрастване на корпуса на корабите в 55, последвано от разпространение на имигранти през Суетския канал (95 случая). Този списък е предназначен да служи като система за ранно предупреждение, която чрез процеса на сканиране на хоризонта би помогнала на страните от ESENIAS да дадат приоритет на инвазивните чужди видове, техните пътища и областите с по-голяма вероятност да се появят, за да предприемат мерки за тяхното управление.

Г.7.12. Dzhembekova, N., Moncheva, S., Ivanova, P., Slabakova, N., Nagai, S. 2018. Biodiversity of phytoplankton cyst assemblages in surface sediments of the Black Sea based on metabarcoding. *Biotechnology & Biotechnological Equipment*, 1507-1513.

Resting stages are common for the life cycle of some phytoplankton species, including blooming and potentially toxic species. The “seed bank” accumulated in the sediments can initiate blooms in the water column and could be an early warning signal of harmful algal blooms (HABs). In order to identify the phytoplankton cyst assemblages, thirteen surface sediment samples were collected from different sites in the Black Sea. The diversity of the resting stages was assessed using high-throughput sequencing metabarcoding (V7-9 hypervariable region of the 18S rDNA). One hundred and eighty microalgal species were identified with high level of similarity to the reference sequences. Dinoflagellates were dominated by *Biecheleria*, *Gymnodinium* and *Karlodinium*. Within diatoms, *Skeletonema*, *Chaetoceros* and *Thalassiosira* were the most abundant genera. Sixteen of the detected operational taxonomic units (OTUs) were assigned to harmful microalgae (12 dinoflagellates species, 1 diatom, 1 haptophyte and 2 raphidophytes). No pattern of microalgal sequences depth distribution was discriminated. The results show that DNA metabarcoding has a great potential for assessment of the phytoplankton diversity in environmental sediments.

Г.7.12. Джембекова, Н., Мончева, С., Иванова, П., Слабокова, Н., Нагаи, С. 2018. Биоразнообразие на фитопланктонни цисти в повърхностните седименти на Черно море въз основа на метабаркодиране. *Biotechnology & Biotechnological Equipment*, 1507-1513.

Етапите на покой са характерни за жизнените цикли на някои видове фитопланктон, в това число цъфтежни и потенциално токсични. „Банката за семена“, натрупана в седимента, може да започне цъфтеж във водния стълб и може да бъде ранен предупредителен сигнал за вреден цъфтеж на водорасли (HABs). За да се идентифицират групите фитопланктонни цисти, са събрани тринадесет проби от повърхностен седимент от различни места в Черно море. Разнообразието на покоящите стадии беше оценено с помощта на метабаркодиране (V7-9 хиперпроменлива област на 18S рДНК), чрез прилагане на секвениране от ново поколение. Сто и осемдесет вида микроводорасли бяха идентифицирани с високо ниво на сходство към референтните последователности. Динофлагелатите са доминирани от *Biecheleria*, *Gymnodinium* и *Karlodinium*. В рамките на диатомите *Skeletonema*, *Chaetoceros* и *Thalassiosira* са най-разпространени родове. Шестнадесет от установените оперативни таксономични единици (OTU) принадлежат на вредни микроводорасли (12 вида динофлагелати, 1 диатомен, 1 хаптофит и 2 рафидофита). Не е установена зависимост на разпределение на секвенциите на микроводораслите в дълбочина. Резултатите показват това, че метабаркодирането на ДНК има голям потенциал за оценка на разнообразието на фитопланктона в седименти.

Г.7.13. Turan, C., Ivanova, P.P., Raykov, V.S., Gurlek, M., Erguden, D., Yaglioglu, D., Karan, S., Dogdu, S.A., Uyan, A., Ozturk, B., Nikolov, V., 2019. Genetics structure analysis of turbot (*Scophthalmus maximus*, Linnaeus, 1758) in the Black and Mediterranean Seas for application of innovative management strategies. *Frontiers in Marine Science*, 6, 740.

The turbot, *Scophthalmus maximus*, is a commercially important flatfish and has remarkable attention with respect to fisheries and aquaculture (Iyengar et al., 1999) from Northeast Atlantic to the Arctic Circle and commonly found in the Baltic and some part of north Mediterranean including the Marmara and the Black Sea, but the Aegean Sea (Turan et al., 2007). *S. maximus* has restricted spatial migrations and live at depth of 20 up to 100m, predate on the small fish, crustaceans and other benthic marine animals (Karapetkova, 1980; Ivanov and Beverton, 1985). The turbot is considered as vulnerable (VU) under the current IUCN Red List criteria (IUCN, 2019). The natural populations of turbot are

subject to strong anthropogenic pressure. The species in the Black Sea is under catch quota following the multiannual management plan for turbot fisheries in the Black Sea. A total allowable catch (TAC) is set at 644 tons for 2018–2019, and each authorized vessel shall not exceed a maximum number of 180 fishing days per year. In addition, the status of the turbot stock must be regularly assessed and the level of current fishing mortality established. Hence, the implementation of a TAC, assuming a 100% curbing of IUU fishing, would allow the stock to quickly recover to large biomass values with a relatively low probability of SSB falling below BLIM (11.6% in 2030). These results provide grounds for the continuation of fishing activities at levels that are acceptable for both the population and the fishery, provided the adequate management measures are adopted (FAO, 2018). The total turbot catches in the Black Sea accounted for 661, 1,444 tons IUU included (GFCM, 2018), the prevailing landings belong to Russia and Turkey for 2016. Despite its economic importance and wide range of distribution, limited literature is available on the population structure of *S. maximus* using molecular markers (Atanassov et al., 2011; Nikolov et al., 2015). Over-exploitation of this resource is a factor for the complete disappearance of local fish populations worldwide (Dulvy et al., 2003). Therefore, globally increased level of exploitation of fisheries resources requires urgent measures to establish the impact on the genetic diversity and population genetic structure of commercial populations in order to improve the strategy for long-term management, which would ensure the conservation of fisheries resources (Karahana et al., 2014). The genetic tools deliver significant advances for fisheries management in the short term that the determination of fishery stock structure is important for defining stock boundaries to underpin sustainable fishery management that is one of the priority areas relevant for fisheries management under the E.U. Common Fisheries (Ovenden et al., 2015). The suggestions mentioned above are based on the immediate needs emerging from the CFP regulation (EC, 2013) and genetic approaches that appear to be feasible, practicable and cost-efficient (Casey et al., 2016). Microsatellitemarkers have been determined in a large variety of fish species and are commonly used in population genetic studies (Iyengar et al., 2000). Recently, microsatellite markers have progressively been used to get knowledge on population structure and interaction between populations of a given species (Chen et al., 2017). Due to its maternal inheritance mode and relative lack of recombination, mitochondrial DNA symbolizes a useful marker system for use in population genetic studies (Hurst et al., 1999). Numerous studies of the genetic structure of turbot have been conducted on North-eastern Atlantic and western Mediterranean countries (Pardo et al., 2005), however, there has been limited study conducted on genetic structure of that species in the Black Sea. Therefore, there is a need for elucidation of the population genetic structure of turbot to find appropriate management strategies for Black Sea countries. Therefore, the aim of this study is to elucidate population genetic structure of turbot (*S. maximus*) from the Black and Marmara Seas and to implement it into management strategies as a key element for rational exploitation and conservation of fish populations.

Г.7.13. Туран, Дж., Иванова, П.П., Райков, В.Ст., Гурлек, М., Ергуден, Д., Яглиоглу, Д., Каран, С., Догду, С.А., Уян, А., Озтурк, Б., Николов, В., 2019. Анализ на генетичната структура на калкана (*Scophthalmus maximus*, Linnaeus, 1758) в Черно и Средиземно морета за прилагане на иновативни стратегии за управление. *Frontiers in Marine Science*, 6, 740.

Калканът, *Scophthalmus maximus*, е важен търговски вид дънна риба с голямо значение за риболова и аквакултурите (Iyengar et al., 1999) от Североизточния Атлантик до Арктическият кръг и често се среща в Балтийско море и част от Северното Средиземноморие, включително Мраморно, Черно и Егейско морета (Turun et al., 2007). *S. maximus* има ограничени пространствени миграции и живее на дълбочина от 20 до 100 m, храни се с дребни риби, ракообразни и други

бентосни морски животни (Karapetkova, 1980; Ivanov and Beverton, 1985). Калканът се счита за уязвим (VU) според IUCN критериите на Червения списък (IUCN, 2019). Естествените популации на калкана са подложени на силен антропогенен натиск. Видът в Черно море е квотиран, съгласно многогодишния план за управление на улова на калкан в Черно море. Общият допустим улов (ОДУ) е определен на 644 тона за 2018–2019 г. и всеки кораб с разрешително не надвишава максималния брой от 180 риболовни дни годишно. Наред с това трябва редовно да се оценява състоянието на запаса от калкан и да се установява нивото на текущата смъртност от риболова. Следователно, прилагането на общ допустим улов (ОДУ), приемайки 100% ограничаване на незаконния, недеклариран и нерегулиран (ННН) риболов, би позволило запасът бързо да се възстанови до стойности на биомасата с относително ниска вероятност репродуктивната биомасата (SSB) да падне под граничната референтна точка (BLIM) (11,6% през 2030 г.). Тези резултати дават основание за продължаване на риболовните дейности на нива, които са приемливи както за популацията, така и за риболова, при условие че се приемат адекватни мерки за управление (FAO, 2018). Общият улов на калкан в Черно море възлиза на 661 т. и 1444 тона (ННН) (GFCM, 2018 г.), като преобладаващите разтоварвания за 2016 г. са на Русия и Турция. Въпреки икономическото му значение и широкия обхват на разпространение, наличната литература за популационната структура на *S. maximus*, базирана на молекулярни маркери е ограничена (Atanassov et al., 2011, Nikolov et al., 2015). Свърхексплоатацията на този ресурс е фактор за пълното изчезване на местните рибни популации в световен мащаб (Dulvy et al., 2003). Следователно глобалното повишено ниво на експлоатация на рибните ресурси изисква спешни мерки за установяване на въздействието върху генетичното разнообразие и популационно-генетичната структура на стопански ценните видове, за да се подобри стратегията за дългосрочно управление, което би гарантирало опазването на рибните ресурси (Karahana et al., 2014). Генетичните подходи осигуряват значителен напредък в управлението на рибарството в краткосрочен план, тъй като определянето на структурата на рибните запаси е важно за определяне на границите на запасите, за да се подкрепи устойчивото управление на рибарството, което е една от приоритетните области в рамките на ЕС (Ovenden et al., 2015). Предложенията, споменати по-горе, се основават на непосредствените нужди, произтичащи от регламента за ОПОР (ЕК, 2013 г.) и генетични подходи, които изглеждат осъществими, приложими и икономически ефективни (Casey et al., 2016 г.). Микросателитните маркери са определени при много от видовете риби и обикновено се използват в популационно-генетични изследвания (Iyengar et al., 2000). Напоследък микросателитните маркери започват да се използват за получаване на знания за структурата на популацията и взаимодействието между популациите на даден вид (Chen et al., 2017). Поради своя начин на унаследяване по майчина линия и относителната липса на рекомбинация, митохондриалната ДНК се използва като ефективен маркер в популационно-генетичните изследвания (Hurst et al., 1999). Многобройни изследвания на генетичната структура на калкана са проведени в страните от Североизточния Атлант и Западното Средиземноморие (Pardo et al., 2005), но има ограничено проучване, проведено върху генетичната структура на този вид в Черно море. Следователно има нужда от изясняване на популационно-генетична структура на калкана, за да се намерят подходящи стратегии за управление в черноморските страни. Ето защо целта на това изследване е да се изясни популационно-генетична структура на калкана (*S. maximus*) от Черно и Мраморно море и да се приложи в стратегиите за управление като ключов елемент за рационална експлоатация и опазване на рибните популации.

Г.7.14. Dzhembekova, N., Rubino, F., Belmonte, M., Zlateva, I., Nataliya Slabakova, N. Ivanova, P., Slabakova, V., Moncheva, S. 2020. Comparative analysis of the adopted morphological and molecular approaches integrated into the study of the dinoflagellate biodiversity within the recently deposited Black Sea sediments – benefits and drawbacks. *Biodiversity Data Journal*, 8.

One of the assets, assigned to the phytoplankton resting stages, is that of serving as the “memory” of the aquatic ecosystems and preserved biodiversity in the course of time. However, an accurate cyst identification proves to be a more difficult and extremely challenging process, even today. In order to gain a better taxonomic coverage of cyst assemblages in the Black Sea, an integrated approach of the classical morphological identification with metabarcoding methods (MySeq sequencing of V7-V9 regions of the 18S rDNA) was applied on thirteen surface sediment samples collected from different sites. A total number of 112 dinoflagellate taxa was detected at the species level and ascribed to 51 genera. In general, it is the molecular analysis that yields a higher number of taxa as compared to those obtained through the morphological taxonomy (66 taxa based on the DNA sequences versus 56 morphologically-identified taxa). Besides, it should be pointed out that the integrated dataset includes 14 potentially toxic dinoflagellate species. Discerned, subsequently, was a good dataset consistency for ten species, followed by some discrepancies as to a number of taxa, identified with one of the methods only, due to specific methodological biases. On the whole, it could be concluded that the combination of morphological and molecular methods is likely to increase the potential for a more reliable taxonomic assessment of phytoplankton diversity in marine sediments which, in turn, proves conclusively the utmost importance of the integrated approach.

Г.7.14. Джембекова, Н., Рубино, Ф., Белмонте, М., Златева, И., Слабокова, Н., Иванова, П., Слабокова, В., Мончева, С. 2020. Сравнителен анализ на морфологични и молекулярни подходи, интегрирани в изследването на биоразнообразието на динофлагелатите в наскоро отложените черноморски седименти – предимства и недостатъци. *Biodiversity Data Journal*, 8.

Едно от предимствата на покоящите стадии на фитопланктона, е да служат като „памет“ на водните екосистеми и запазване на биоразнообразие във времето. Точното идентифициране на цисти обаче се оказва по-труден и изключително предизвикателен процес, дори и днес. За да се получи по-добро таксономично покритие на групите цисти в Черно море, беше приложен интегриран подход на класическата морфологична идентификация с методи за метабаркодиране (MySeq секвениране на V7-V9 региони на 18S rDNA) върху тринадесет проби от повърхностен седимент, събрани от различни сайтове. Общо 112 таксона динофлагелати бяха открити на видово ниво, принадлежащи към 51 рода. Като цяло, молекулярният анализ е този, който дава по-голям брой таксони в сравнение с тези, получени чрез морфологичната таксономия (66 таксона въз основа на ДНК последователностите срещу 56 морфологично идентифицирани таксона). Наред с това трябва да се отбележи, че интегрираният набор от данни включва 14 потенциално токсични вида динофлагелати. Впоследствие беше установено съответствие в данните за десет вида, както и някои несъответствия по отношение на таксони, идентифицирани само с един от методите, поради специфични методологични ограничения. Като цяло може да се заключи, че комбинацията от морфологични и молекулярни методи вероятно ще увеличи потенциала за по-надеждна таксономична оценка на разнообразието на фитопланктона в морските седименти, което от своя страна доказва убедително изключителното значение на интегрирания подход.

Г.7.15. Ivanova, P., Dzhebekova, N., Atanassov, I., Rusanov, K., Raykov, V., Zlateva, I., Yankova, M., Raev, Y., Nikolov, G. 2021. Genetic diversity and morphological characterisation of three turbot (*Scophthalmus maximus* L., 1758) populations along the Bulgarian Black Sea coast. *Nature Conservation*, 43, 123-146.

Turbot (*Scophthalmus maximus* L., 1758) is a valuable commercial fish species classified as endangered. The conservation and sustainability of the turbot populations require knowledge of the population's genetic structure and constant monitoring of its biodiversity. The present study was performed to evaluate the population structure of turbot along the Bulgarian Black Sea coast using seven pairs of microsatellites, two mitochondrial DNA (COIII and CR) and 23 morphological (15 morphometric and 8 meristic) markers. A total of 72 specimens at three locations were genotyped and 59 alleles were identified. The observed number of alleles of microsatellites was more than the effective number of alleles. The overall mean values of observed (H_o) and expected heterogeneity (H_e) were 0.638 and 0.685. A high rate of migration between turbot populations (overall mean of $N_m = 17.484$), with the maximum value (19.498) between Shabla and Nesebar locations, was observed. This result corresponded to the low level of genetic differentiation amongst these populations (overall mean $F_{st} = 0.014$), but there was no correlation between genetic and geographical distance. A high level of genetic diversity in the populations was also observed. The average Garza-Williamson M index value for all populations was low (0.359), suggesting a reduction in genetic variation due to a founder effect or a genetic bottleneck. Concerning mitochondrial DNA, a total number of 17 haplotypes for COIII and 41 haplotypes for CR were identified. The mitochondrial DNA control region showed patterns with high haplotype diversity and very low nucleotide diversity, indicating a significant number of closely-related haplotypes and suggesting that this population may have undergone a recent expansion. Tajima's D test and Fu's FS test suggested recent population growth. Pairwise F_{st} values were very low. The admixture and lack of genetic structuring found pointed to the populations analysed probably belonging to the same genetic unit. Therefore, a proper understanding and a sound knowledge of the level and distribution of genetic diversity in turbot is an important prerequisite for successful sustainable development and conservation strategies to preserve their evolutionary potential.

Г.7.15. Иванова, П., Джембекова, Н., Атанасов, И., Русанов, К., Райков, В., Златева, И., Янкова, М., Раев, Й., Николов, Г. 2021. Генетично разнообразие и морфологична характеристика на три популации на калкан (*Scophthalmus maximus* L., 1758) по българското черноморско крайбрежие. *Nature Conservation*, 43, 123-146.

Калканът (*Scophthalmus maximus* L., 1758) е стопански ценен вид риба, класифициран като застрашен. Опазването и устойчивостта на популациите на калкана изисква познаване на генетичната структура на популацията и постоянен мониторинг на нейното биоразнообразие. Настоящото изследване е проведено за оценка на популационната структура на калкана по българското черноморско крайбрежие с помощта на седем двойки микросателити, две митохондриални ДНК (COIII и CR) и 23 морфологични (15 морфометрични и 8 меристични) маркера. Общо 72 екземпляра от три района бяха генотипирани и са идентифицирани 59 алела. Наблюдаваният брой алели на микросателитите е повече от ефективния брой алели. Общите средни стойности на наблюдаваната (H_o) и очакваната хетерогенност (H_e) бяха 0,638 и 0,685. Наблюдава се висока скорост на миграция между популациите на калкана (обща средна стойност от $N_m = 17,484$), с максимална стойност (19,498) между Шабла и Несебър. Този резултат съответства на ниското ниво на генетична диференциация сред тези популации (обща средна

стойност $F_{st} = 0,014$), но няма корелация между генетичното и географско разстояние. Наблюдава се и високо ниво на генетично разнообразие в популациите. Средната стойност на индекса $Garza\text{-}Williamson\ M$ за всички популации е ниска (0,359), което предполага намаляване на генетичната вариация поради ефекта на основателя или генетичен ботълнек. Що се отнася до митохондриалната ДНК, бяха идентифицирани общ брой от 17 хаплотипа за СОIII и 41 хаплотипа за CR. Контролният регион на митохондриалната ДНК показва високо хаплотипно разнообразие и много ниско нуклеотидно разнообразие със значителен брой тясно свързани хаплотипове и предполага, че тази популация може да е претърпяла скорошно разширяване. D тестът на Tajima и FS тестът на Fu предполагат скорошен ръст на популацията. Стойностите на F_{st} бяха много ниски. Установеното смесване и липса на генетично структуриране показва, че анализирани популации вероятно принадлежат към една и съща генетична единица. Следователно, правилното разбиране и задълбочено познаване на нивото и разпространението на генетичното разнообразие при калкана е важна предпоставка за успешното устойчиво развитие и стратегии за опазване, за да се запази техният еволюционен потенциал.

Г. 7.16. Dashinov, D., Czerniejewski, P., Balshine, S., Synyshyn, C., Tasheva-Terzieva, E., Stefanov, T., Ivanova, P., Mandrak, N., Uzunova, E. 2020. Variation in external morphology between the native and invasive populations of the round goby, *Neogobius melanostomus* (Actinopterygii: Gobiidae). *Zoomorphology*, vol. 139(3) 361–371.

Fish established outside their native range often express various changes in external morphology, which may result in significant variation between individuals inhabiting different regions. In the current study we aim to explore differences in morphology among several populations of the round goby (*Neogobius melanostomus*), an invasive fish in Europe and North America. A total of 753 round gobies were collected from several invasive and native populations, including marine, brackish, freshwater, lake and river ecosystems belonging to the Black Sea, Baltic Sea and Great Lakes watersheds. We analysed 35 metric and meristic characters using ANOVA, discriminant analysis and allometric coefficients. Our results indicate significant differences between most of the populations in characters such as inter orbital distance, eye diameter, head width, second dorsal fin length and depth. River dwelling round gobies had elongated ventral fins compared to those from standing water bodies—a possible adaptation for upstream dispersal in flowing habitats. Most of the morphologic characters expressed positive allometry with significant differences in allometric coefficients between populations. Probably due to their recent invasive history, some of the head characters and allometric models grouped together round gobies from the Great Lakes watershed with those from a newly established population in the Danube tributaries. Similarities between geographically distant round goby populations might reflect common adaptations in external morphology during the course of invasion.

Г. 7.16. Дашинов, Д., Черниевски, П., Балшине, С., Синишин, Ч., Ташева-Терзиева, Е., Стефанов, Т., Иванова, П., Мандрак, Н., Узунова, Е. 2020. Вариации във външната морфология между местните и инвазивните популации на стронгила, *Neogobius melanostomus* (Actinopterygii: Gobiidae). *Zoomorphology*, vol. 139(3) 361–371.

Рибите установени извън техния нативен ареал, често проявяват различни промени във външната си морфология, което може да доведе до значителни различия между индивидите, обитаващи различни региони. В настоящото изследване ние се насочихме към проучване на възможните различия в морфологията между няколко популации на стронгила (*Neogobius*

melanostomus), инвазивна риба както в Европа, така и Северна Америка. Бяха събрани общо 753 стронгила от няколко инвазивни и местни популации, включително морски, бракични, сладководни, езерни и речни екосистеми, принадлежащи към водосборите на Черно и Балтийско морета и Големите езера. Анализирахме 35 метрични и меристични признака, използвайки ANOVA, дискриминантен анализ и алометрични коефициенти. Нашите резултати показват значителни разлики между повечето популации по признаци като междуорбитално разстояние, диаметър на окоото, ширина на главата, дължина и дълбочина на втората гръбна перка. Обитаващите реки стронгили имат удължени коремни перки в сравнение с тези от стоящи водни басейни - възможна адаптация за разселване нагоре по течението в течащите водни екосистеми. Повечето от морфологичните признаци показват положителна алометрия със значителни разлики в алометричните коефициенти между популациите. Вероятно поради скорошната им инвазивна история, някои от белезите по главата и алометричните модели групираха заедно стронгили от водосбора на Големите езера с тези от новосъздадената популация в притоците на река Дунав. Сходствата между географски отдалечени популации на стронгили могат да отразяват общи адаптации във външната морфология по време на процеса на инвазия на вида в различни хабитати.

Г. 7.17. Raykov, V., St., Hubenova, T., Ivanova, P., Kotsev, I., Zaykov, A., A. Ivanova. A. 2020. Allocated Zones for Sturgeon Mariculture in Bulgarian Black Sea Waters. *Journal of Environmental Protection and Ecology*, 21, 6, 2110-2120.

In recent years, the role of cultivation of various aquatic organisms, in mariculture to reduce the anthropogenic pressure on natural fish populations is extremely important, especially for species with reduced abundance, including sturgeons – family Acipenseridae. Technologies for growing different fish species in fresh and saltwater are constantly improving and the yields are increasing. In Bulgaria, sturgeon farming is very well developed, but exclusively in freshwater. The Black Sea is not used in this direction, despite the potential it has as a water basin. Allocated Zones for Aquaculture (AZA) are essential for the rational utilisation of the sea coast and the maritime space. The overall assessment is that AZA is a key tool for the development of aquaculture activities in the Black Sea countries. Some obvious differences can be observed between the countries in terms of environmental conditions, management, technical capacity, aquaculture development, and knowledge. These differences are also reflected in the development, implementation, and management of AZA. Besides, AZA provides added value, guarantees for the future, legal stability for aquaculture. Cage fish farms in Bulgarian marine area, which in general can be located near the shore – ‘inshore’, ‘coastal’ or at a greater distance from it – ‘offshore’. The number of environmental factors, antropogenic impacts, bottom relief and possible spatial and temporal conflicts of different activities should be taken into account in AZA application in Bulgarian marine area.

Г. 7.17. Райков, В., Ст., Хубенова, Т., Иванова, П., Коцев, И., Зайков, А., Иванова. А. 2020. Определени зони за марикултура на есетрови риби в българските черноморски води. *Journal of Environmental Protection and Ecology*, 21, 6, В.Е.Н.А, ISSN: ISSN 1311-5065, 2110-2120.

През последните години ролята на култивирането на различни водни организми в марикултурата за намаляване на антропогенния натиск върху естествените рибни популации е изключително важна, особено за видовете с намалено обилие, включително есетровите – семейство Acipenseridae. Технологиите за отглеждане на различни видове риби в сладки и морски води непрекъснато се усъвършенстват, а добивите се увеличават. В България отглеждането на есетрови риби е много добре развито, но най-вече в сладки води. Черно море не се използва в тази

посока, въпреки потенциала, който има като воден басейн. Определянето на зони за аквакултури (AZA) е от съществено значение за рационалното използване на морския бряг и морското пространство. Общата оценка е, че AZA е ключов инструмент за развитието на аквакултурни дейности в черноморските страни. Наблюдават се някои разлики между страните по отношение на условията на околната среда, управлението, техническия капацитет, развитието на аквакултурите и знанията. Тези различия се отразяват и в разработването, внедряването и управлението на AZA. Освен това AZA осигурява добавена стойност, гаранции за бъдещето, правна стабилност за аквакултурата. Садкови рибовъдни стопанства в българската морска зона, могат да бъдат разположени близо до брега – „inshore“, „coastal“ или на по-голямо разстояние от него – „offshore“. Редица екологични фактори, антропогенни въздействия, релеф на дъното и възможни пространствени и времеви конфликти на различни дейности трябва да бъдат взети предвид при прилагането на AZA в българската морска зона.

Г.7.18. Raykov, V., Zlateva, I., Ivanova, P., Dimitrov, D., Golumbeanu, M. 2020. Stratified seafloor marine litter assessment. Bulgarian Black Sea waters case. *Journal of Environmental Protection and Ecology*, 2, 21, 463-470.

Marine litter was acknowledged as one of the most serious threats to marine ecosystems, including living marine organisms and their habitats. Numerous studies are investigating the overall impact of marine litter to sea life and indirect to humans and the outcome shows that the problem is very complex. It has short term and long term negative effects, some of them are eventually still unknown, and therefore the latter has been seriously underestimated throughout the years. The present study targets to provide an overview of the spatial distribution and initial assessment of marine litter abundance in the Bulgarian sector of the Black sea waters as well as more precise classification of dominating litter categories to serve as basis for analysis of the current state and to lay down the foundation of more comprehensive marine litter monitoring. Combined stratified fish stock and marine litter assessment survey was carried out for three consecutive years (2015–2017) and results were analysed in terms of proper differentiation and classification of the marine litter items collected and the most frequent litter groups are identified accordingly.

Г.7.18. Райков, В., Златева, И., Иванова, П., Димитров, Д., Голумбеану, М 2020. Стратифицирана оценка на морските отпадъци на морското дъно в български черноморски води. *Journal of Environmental Protection and Ecology*, 2, 21, 463-470.

Морските отпадъци са една от най-сериозните заплахи за морските екосистеми, включително живите морски организми и техните местообитания. Многобройни проучвания изследват общото въздействие на морските отпадъци върху живота в морето и косвено върху хората и резултатите показват, че проблемът е много сложен. Той има краткосрочни и дългосрочни отрицателни ефекти, като някои от тях все още са неизвестни и следователно са били сериозно подценявани през годините. Настоящото изследване има за цел да предостави преглед на пространственото разпределение и първоначална оценка на обилието на морски отпадъци в българския сектор на Черно море, както и по-прецизна класификация на доминиращите категории отпадъци, които да послужат като основа за анализ на текущото състояние и ще положат основите на по-цялостен мониторинг на морските отпадъци. Комбинирано стратифицирано проучване за оценка на рибните запаси и морските отпадъци беше проведено в продължение на три последователни години (2015–2017 г.) и резултатите бяха анализирани по отношение на

правилното разграничаване и класифициране на събраните морски отпадъци и се идентифицираха най-често срещаните групи от тях.

Г.7.19. Băncilă, R. I., Skolka, M., Ivanova, P., Surugiu, V., Stefanova, K., Todorova, V., Zenetos, A. 2022. Alien species of the Romanian and Bulgarian Black Sea coast: state of knowledge, uncertainties, and needs for future research. *Aquatic Invasions*, 17, 3, 353-373.

In order to assist the implementation of the European policies on Invasive Alien Species (IAS Regulation) and mitigate the impact of alien species that threaten the marine ecosystem services and biodiversity, accurate lists of alien species per European Member State are required. Although inventories of marine alien species and relevant information about them have been reported for the Black Sea marine region of Romania and Bulgaria, a validated list of alien species for the two countries is still lacking. In this paper we (i) propose a validated list of the marine alien species occurring in the Romanian and Bulgarian Black Sea regions, and (ii) address errors, gaps and uncertainties associated with listing alien species from the marine waters of the two countries. The list of alien species includes 37 species for Romania and 26 for Bulgaria, with the highest number of alien species belonging to the phylum Arthropoda for both countries. The majority of alien species have been classified as successfully established in the marine waters of both countries. Thirteen alien species were classified as invasive in Romania whilst eight alien species were classed as invasive in Bulgaria. The historical overview indicates that the number of alien species has steadily increased over the last 50 years both in Romania and Bulgaria. The results of our study provide the baseline list and information for addressing marine alien species at a national level and a starting point for selecting the invasive alien species for risk assessment towards an effective implementation of the IAS. Regulation. In conclusion, this study provides supporting information for implementing measures to tackle the introduction of alien species in the western region of the Black Sea. These measures are needed to build an early warning, prevention, and control of invasive alien species in the Black Sea, a unique and fragile ecosystem.

Г.7.19. Банчила, Р. И., Сколка, М., Иванова, П., Суругиу, В., Стефанова, К., Тодорова, В., Зенетос, А. 2022. Чужди видове по румънското и българското черноморско крайбрежие: състояние на познанията, неясноти и нужди от бъдещи изследвания. *Aquatic Invasions*, 17, 3, 353-373.

За да се подпомогне прилагането на европейските политики относно инвазивните чужди видове (Регламент за IAS) и смекчаване на въздействието на чуждите видове, които заплашват екосистемните услуги и биоразнообразието, са необходими точни списъци на чужди видове за всяка европейска държава-членка. Въпреки че са съобщени списъци на чужди морски видове и подходяща информация за тях за черноморския регион на Румъния и България, все още липсва валидиран списък на чужди видове за двете страни. В тази статия ние (i) предлагаме валидиран списък на чуждите морски видове, срещащи се в румънския и българския черноморски регион, и (ii) адресираме грешки, пропуски и несигурности, свързани с изброяването на чужди видове от морските води на двете страни. Списъкът на чуждите видове включва 37 вида за Румъния и 26 за България, като най-много чужди видове принадлежат към тип Arthropoda и за двете страни. Повечето чужди видове са класифицирани като успешно установени в морските води на двете страни. Тринадесет чужди вида са класифицирани като инвазивни в Румъния, докато осем чужди вида са класифицирани като инвазивни в България. Историческият преглед показва, че броят на чуждите видове непрекъснато се е увеличавал през последните 50 години както в Румъния, така и

в България. Резултатите от нашето проучване предоставят основния списък и информация за справяне с чуждите морски видове на национално ниво и са отправна точка за избор на инвазивни чужди видове за оценка на риска и ефективно прилагане на Регламента за ИЧВ. В заключение, това проучване предоставя подкрепяща информация за прилагането на мерки за справяне с въвеждането на чужди видове в западния регион на Черно море. Тези мерки са необходими за изграждане на ранно предупреждение, превенция и контрол на инвазивни чужди видове в Черно море, една уникална и крехка екосистема.

Г.7.20. Dzhembekova, N., Atanasov, I., Ivanova, P., Moncheva, S. 2017. New potentially toxic *Pseudo-nitzschia* species (Bacillariophyceae) identified by molecular approach in the Black Sea (Varna Bay), *International Multidisciplinary Scientific GeoConference Surveying Geology and Mining Ecology Management*, SGEM 17(31), pp. 889-896,

The potentially toxic genus *Pseudo-nitzschia* H.Peragallo, 1900 is common for the phytoplankton community in the Bulgarian part of the Black Sea often proliferating to bloom densities. The highly similar morphological features hamper the precise species discrimination by light microscopy and an accurate identification requires the application of more sophisticated methods. In this study we used genus specific large subunits ribosomal DNA (LSU rDNA) primer pair in order to elucidate the species diversity within *Pseudo-nitzschia* in Varna Bay. Three *Pseudo-nitzschia* species (four distinct ribotypes) were found in the constructed from environmental samples clone libraries. Molecular data were compared with light microscopy counts. This is the first detection of *P. linea* Lundholm, Hasle and G.A.Fryxell, 2002 in the Black Sea and first confirmation of presence of *P. calliantha* Lundholm, Moestrup & Hasle, 2003 and *P. pungens* var. *aveirensis* Lundholm, Churro, Carreira & Calado, 2009 in Bulgarian waters. The results from this preliminary study are in support of the potential of molecular analysis as a powerful approach for clarifying *Pseudo-nitzschia* taxonomic diversity in Bulgarian Black Sea waters.

Г.7.20. Джембекова, Н., Атанасов, И., Иванова, П., Мончева, С. 2017. Нови потенциално токсични видове *Pseudo-nitzschia* (Bacillariophyceae), идентифицирани чрез молекулярен подход в Черно море (Варненски залив), *International Multidisciplinary Scientific GeoConference Surveying Geology and Mining Ecology Management*, SGEM 17(31), pp. 889-896.

Потенциално токсичният род *Pseudo-nitzschia* H.Peragallo, 1900 е често срещан във фитопланктонното съобщество в българската част на Черно море, често пролифериращ до цъфтежна гъстота. Много сходните морфологични характеристики възпрепятстват точното разграничаване на видовете чрез светлинна микроскопия и точната идентификация изисква прилагането на по-усъвършенствани методи. В това изследване ние използвахме родовоспецифичните двойка праймери - големите субединици на рибозомната ДНК (LSU rDNA), за да изясним видовото разнообразие в рамките на *Pseudo-nitzschia* във Варненския залив. Три вида *Pseudo-nitzschia* (четири различни риботипа) бяха открити в създадените библиотеки. Молекулярните данни бяха сравнени тези, получени от светлинен микроскоп. За първи път е открит вида *P. linea* Lundholm, Hasle и G.A.Fryxell, 2002 в Черно море и е потвърдено присъствието на *P. calliantha* Lundholm, Moestrup & Hasle, 2003 и *P. pungens* var. *aveirensis* Lundholm, Churro, Carreira & Calado, 2009 в български води. Резултатите от това предварително проучване са в подкрепа на потенциала на молекулярния анализ като мощен подход за изясняване на таксономичното разнообразие на *Pseudo-nitzschia* в българските води на Черно море.

Г.7.21. Ivanova, P. P., Zlateva, I. Y., Raykov, V. S., Yankova, M. H., Dzhembekova, N. S., Slabakova, V. H., Raev. Y. R. 2023. Comparative Analysis of Morphometric and Meristic Characters of *Scophthalmus maximus* (Linnaeus 1758), Sampled in Four Different Sites Along the Bulgarian Black Sea Coast, *Acta zoological bulgarica*, in press.

Morphometric and meristic characters of fish are important for species differentiation, overall stock status assessment, in the analysis of the population structure and genetic variations within and between populations, and as an indicator for utilization of environmental resources or habitat diversity. Comparative analysis of morphometric and meristic characters of *Scophthalmus maximus* L., sampled in the regions of Shabla, Shkorpilovtsi, Nesebar and Tsarevo, along the Bulgarian Black Sea coast was carried out. Selected growth models as length-weight relationship (LWR) and relationships and ratios as standard length (SL) – total length (TL), head length (HL) – body depth/height (BD/BH), BD/BH – SL, were studied, aiming at identification of specific or significant differences in the sampled specimens and indirect differentiation of specific environment constraints in species habitat. The studied turbot populations demonstrated considerable intra-species morphometric variations, which are further to be justified by thorough analysis of genetic diversity at a local and regional level. Environmental differences between sites in the sampling period have not been recorded and the species habitat appeared to be homogenous in terms of abiotic environment.

Г.7.21. Ivanova, P. P., Zlateva, I. Y., Raykov, V. S., Yankova, M. H., Dzhembekova, N. S., Slabakova, V. H., Raev. Y. R. 2023. Сравнителен анализ на морфометричните и меристични характеристики на *Scophthalmus maximus* (Linnaeus 1758), на проби от четири различни района по българското черноморско крайбрежие, *Acta zoological bulgarica*, под печат.

Морфометричните и меристичните характеристики на рибите са важни за диференциацията на видовете, цялостната оценка на състоянието на запасите, при анализа на структурата на популацията и генетичните вариации в рамките на и между популациите и като индикатор за използване на ресурсите на околната среда или разнообразието на местообитанията. Извършен е сравнителен анализ на морфометрични и меристични характеристики на вида *Scophthalmus maximus* L., по българското черноморско крайбрежие, от районите на Шабла, Шкорпиловци, Несебър и Царево. Избрани модели на растеж като връзка дължина-тегло (LWR) и връзки и съотношения като стандартна дължина (SL) – обща дължина (TL), дължина на главата (HL) – дълбочина/височина на тялото (BD/BH), BD/BH – SL, бяха проучени с цел идентифициране на специфични или статистически значими разлики в пробите и непряка диференциация на специфични ограничения на околната среда в местообитанието на вида. Изследваните популации на калкан демонстрират значителни вътревидови морфометрични вариации, които допълнително се оправдават чрез задълбочен анализ на генетичното разнообразие на местно и регионално ниво. Екологични разлики между сайтовете за пробонабиране не са регистрирани и местообитанието на вида е хомогенно по отношение на абиотичната среда.

Г.7.22. Boero N. (...),Dimitrov L., Ivanova P., Todorova V., Panayotova M., Doncheva V., Kotsev I., Prodanov B. et. al. 2016. CoCoNet: Towards coast to coast networks of marine protected areas (from the shore to the high and deep sea), coupled with sea-based wind energy potential. *SCIRES-IT (SCientific RESearch and Information Technology)*, Vol.6 Suppl.2016, 1-95.

This volume contains the main results of the EC FP7 “The Ocean of Tomorrow” Project CoCoNet, divided in two sections: 1) a set of guidelines to design networks of Marine Protected Areas in the Mediterranean and the Black Seas; 2) a smart wind chart that will allow evaluating the possibility of installing Offshore Wind Farms in both seas. The concept of Cells of Ecosystem Functioning, based on connectivity, is introduced to define natural units of management and conservation. The definition of Good Environmental Status, as defined in the Marine Strategy Framework Directive, is fully embraced to set the objectives of the project, by adopting a holistic approach that integrates a full set of disciplines, ranging from physics to bio-ecology, economics, engineering and many sub-disciplines. The CoCoNet Consortium involved scientist sfrom 22 states, based in Africa, Asia, and Europe, contributing to build a coherent scientific community.

Г.7.22. Боеро Н. (...), Димитров Л., Иванова П., Тодорова В., Панайотова М., Дончева В., Коцев И., Проданов Б. et. al. 2016. CoCoNet: Towards coast to coast networks of marine protected areas (from the shore to the high and deep sea), coupled with sea-based wind energy potential. *SCIRES-IT (SCientific RESearch and Information Technology)*, Vol.6 Suppl.2016, 1-95.

Този том съдържа основните резултати от проекта CoCoNet на ЕС 7РП „Океанът на утрешния ден“, разделен на два раздела: 1) набор от насоки за проектиране на мрежи от защитени морски зони в Средиземно и Черно море; 2) интелигентна диаграма на вятъра, която ще позволи да се оцени възможността за инсталиране на офшорни вятърни паркове и в двете морета. Въвежда се концепцията за клетките на функционирането на екосистемата, базирана на свързаността, за да се определят природните единици на управление и опазване. Определението за добро състояние на околната среда, както е дефинирано в Рамковата директива за морска стратегия, е напълно възприето, за да се определят целите на проекта, чрез възприемане на холистичен подход, който интегрира пълен набор от дисциплини, вариращи от физика до биекология, икономика, инженерство и много поддисциплини. Консорциумът CoCoNet включва учени от 22 държави, базирани в Африка, Азия и Европа, които допринасят за изграждането на съгласувана научна общност.

ПУБЛИКАЦИИ, КОИТО НЕ СА РЕФЕРИРАНИ И ИНДЕКСИРАНИ В СВЕТОВНОИЗВЕСТНИ БАЗИ ДАННИ С НАУЧНА ИНФОРМАЦИЯ (WEB OF SCIENCE И SCOPUS).

Г.23. Tsekov, A., Ivanova, P., Angelov, M., Atanasova, S., Bloesch, J. 2008. Natural sturgeon hybrids along the Bulgarian Black Sea coast and in the Danube River, *Acta zoologica bulgarica*, 60 (3): 311-316, ISSN 0324-0770.

During October 2005 and June 2006 eleven individuals of sturgeon hybrids were caught in Bulgarian waters of Black Sea and Danube River. Electrophoresis (isoelectric focusing, IEF) ascertained the observed morphological differences of these hybrids on the genetic level. Three different hybrids of various offspring generations were identified: *Acipenser gueldenstaedti* x *Acipenser ruthenus*; *Acipenser ruthenus* x *Acipenser stellatus*; *Huso huso* x *Acipenser ruthenus*.

Г.23. Цеков, А., Иванова, П., Ангелов, М., Атанасова, С. и Блоеш, Й. 2008. Естественни хибриди на есетрови риби по Българското Черноморие и в река Дунав, *Acta zoologica bulgarica*, 60 (3): 311-316, ISSN 0324-0770.

През октомври 2005 г. и юни 2006 г. в България са уловени 11 екземпляра есетрови хибриди от Черно море и река Дунав. Електрофоретичните анализи (изоелектрично фокусиране, IEF) установиха, че наблюдаваните морфологични различия на тези хибриди са както на морфологично, така и на генетично ниво. Идентифицирани са три различни хибрида (*Acipenser gueldenstaedti* x *Acipenser ruthenus*; *Acipenser ruthenus* x *Acipenser stellatus*; *Huso huso* x *Acipenser ruthenus*) от различни поколения на потомството.

Г.24. Tsekov, A., Ivanova, P., Dobrovolov, I. 2008. First data for species identification of turbot along the Bulgarian Black Sea coast based on the genetic-biochemical analyses. *Acta zoologica bulgarica*, Suppl.2, 299-304, ISSN 0324-0770.

On the basis of isoelectric focusing (IEF) of haemoglobin on thin polyacrylamide Ampholine gel two different species specific of turbot along the Bulgarian Black Sea coast were found. Haemoglobin spectra, typical of two turbot species correspond with some of their morphological differences. The data obtained could be used for species identification of the turbot in the Black Sea.

Г.24. Цеков, А., Иванова, П., Доброволов, И. 2008. Първи данни за видова идентификация на калкана по Българското Черноморие въз основа на генетико-биохимични анализи. *Acta zoologica bulgarica*, Suppl.2, 299-304, ISSN 0324-0770.

На базата на изоелектрично фокусиране (ИЕФ) на хемоглобина върху тънък полиакриламиден амфолинов гел се установиха два различни видовоспецифични спектъра при калкана от българското черноморско крайбрежие. Спектрите на хемоглобина, типични и за двата вида калкан кореспондират с някои от техните морфологични различия. Получените резултати биха могли да се използват за видова идентификация на калкана в Черно море.

Г.25. Apostolou, A., Ivanova, P., Dobrovolov, I., Trichkova, T., Zivkov, M. 2007. Genetic-biochemical characteristic of *Carassius gibelio* (BLOCH, 1798) populations in some Bulgarian and Greek water basins. *Proceeding of the Institute of Fishing Resources*, 26: 45-50.

Based on the genetic-biochemical analyses, a comparison was made between the populations of the silver carp (*Carassius gibelio*) from the Struma and Veleka rivers (Bulgaria) and the Kerkeni dam (Greece), as well as between those from the Drenovets and Poletkovtsi dams (Northwestern Bulgaria). The population-genetic structure of *C. gibelio* was determined by applying starch-gel electrophoresis and isoelectric focusing of five enzyme and one non-enzyme system (encoded by 18 loci). The gene frequencies of the polymorphic loci (*PROT-3**, *EST-1**, *mMEP** and *SOD**) could be used as genetic markers to distinguish *C. gibelio* populations. All other investigated enzyme systems have a common electrophoretic mobility in the compared populations.

Г.25. Апостолю, А, Иванова, П., Доброволов, И., Тричкова, Т., Живков, М. 2007. Генетико-биохимична характеристика на популациите на *Carassius gibelio* (BLOCH, 1798) в някои български и гръцки водоеми.

На базата на генетико-биохимичните анализи е проведено сравнение на популациите на сребрият каракуда (*Carassius gibelio*) от реките Струма и Велека (България) и яз. Керкени (Гърция), както и между тези от язовирите Дреновец и Полетковци (Северозападна България). Установена е популационно-генетичната структура на *C. gibelio* чрез прилагане на скорбелно-гелна електрофореза и изоелектрично фокусиране на пет ензимни и една неензимна система (кодирани от 18 локуса). Генните честоти на полиморфните локуси (*PROT-3**, *EST-1**, *mMEP** и *SOD**) биха могли да се използват като генетични маркери за разграничаване на популациите на *C. gibelio*. Всички останали изследвани ензимни системи имат обща електрофоретична подвижност при сравняваните популации.

Г.26. Idakieva, K., Tchobanov, A., Doumanova, L., Ivanova, P., Dobrovolo, I., Gielens, C. 2008. Development of biotechnology for production of biologically active compounds from *Rapana thomasiana* hemocyanin. *Advances in Bulgarian Science*, 2-3: 13-24, ISSN 1312-6164.

The paper describes activities and results of four partner group working on a joint research project within the national scientific program Biological resources, biotechnology and food quality and safety of National Science Fund. The project is directed towards development of biotechnology for reproductive production of biologically active compounds of *Rapana thomasiana* hemocyanin (RtH) and their application as safety immunomodulators in laboratory and clinical practice. For elucidation of the relationship between biological function of invertebrate dioxygen-transporting proteins and their structure, new experimental data of the structure and properties are obtained. The involvement of glycan structures present on the protein in the antigenicity of RtH is revealed. The immunization with RtH or its subunits in mouse experimental models resulted in strong immune response in vivo. Common epitope of influenza A virus hemagglutinin jointed to RtH resulted in generation of molecule with increased immunogenicity. Our results are the first demonstration that RtH and /or its subunits could be used in different immunization protocols as an adjuvant or as a protein-carrier.

Г.26. Идакиева, К., Чорбанов, А., Думанова, Л., Иванова, П., Доброволов, И., Гиленс, К. 2008. Развитие на биотехнология за производство на биологично активни съединения от хемоцианин от *Rapana thomasiana*, *Advances in Bulgarian Science*, 2-3: 13-24, ISSN 1312-6164.

Статията описва дейностите и резултатите от четири партньорски групи, работещи по съвместен изследователски проект в рамките на националната научна програма „Биологични ресурси, биотехнологии и качество и безопасност на храните“ на Фонд „Научни изследвания“.

Проектът е насочен към разработване на биотехнология за репродуктивно производство на биологично активни съединения на хемоцианин (RtH) от *Rapana thomasiana* и приложението им като безопасни имуномодулатори в лабораторната и клинична практика. За изясняване на връзката между биологичната функция на протеини, пренасящи кислород при безгръбначни, и тяхната структура са получени нови експериментални данни за структурата и свойствата. Разкрито е участието на гликановите структури, присъстващи в протеина, в антигенността на RtH. Имунизацията с RtH или негови субединици в експериментални модели на мишки води до силен имунен отговор *in vivo*. Общ епитоп на хемаглютинин на вируса на грип А, свързан с RtH, възстановява генерирането на молекула с повишена имуногенност. Нашите резултати са първата демонстрация, че RtH и/или неговите субединици могат да се използват в различни имунизационни протоколи като адювант или като протеинов носител.

Г.27. Trichkova, T., Ivanova, P., Dobrovolov, I., Nikolov, V., Stefanov, T., 2010. Biological and genetic-biochemical parameters of *Carassius gibelio* population in the Kamtchiya River (Black Sea tributary, Bulgaria), *Transylvanian Review of Systematical and Ecological Research*. 149-159, ISSN 1841-7051.

In Bulgaria, the species gibel carp, *Carassius gibelio* (Bloch, 1782), was first reported in the 1940s only in the Danube River and the Black Sea coastal lakes. At present, it is common in all water bodies from the Aegean and the Black Sea basins, and it is one of the dominant fish species in the Bulgarian lakes and reservoirs. In the Kamchiya River (Black Sea tributary) the species was first reported in 1974. Totally 50 specimens of gibel carp were collected in the Kamchiya River in June 2009. Their standard length ranged from 95 to 220 mm, and weight from 25 to 290 g. They belonged to five age groups: 11 specimens of age 1+, 26 specimens of age 2+, 7 specimens of age 3+, 5 of age 4+ and one of age 5+. All individuals were sexually mature. The population consisted of females and males in the ratio 2:1. Growth rate and condition factor were studied and compared with other gibel carp populations. General muscle proteins and five enzyme systems of 34 individuals were analyzed by electrophoresis. All samples had three allelic polymorphism in the PROT-3* locus, and the frequency of PROT-3*a allele in the Kamchiya population was the highest (0.75) in comparison with other Bulgarian rivers and reservoirs. Two-allelic polymorphism with a null allele in the second esterase polymorphic zone (EST-2*) was found in the Kamchiya River. Expression of allele a (EST-2*a) was observed. All other enzyme systems (MDH, LDH and SOD) had common electrophoretic patterns. The gene frequencies of polymorphic loci (PROT-3* and EST-2*) could be used as genetic markers for distinguishing of *C. gibelio* population in the Kamchiya River.

Г.27. Тричкова, Т., Иванова, П., Доброволов, И., Николов, В., Стефанов, Т., 2010. Биологични и генетико-биохимични параметри на популацията на *Carassius gibelio* в река Камчия (вливаща се в Черно море, България), *Transylvanian Review of Systematical and Ecological Research*. 149-159, ISSN 1841-7051.

В България видът сребриста каракуда *Carassius gibelio* (Bloch, 1782) е установен за първи път през 40-те години на миналия век само в река Дунав и черноморските езера. Понастоящем е разпространен във всички водоеми от Беломорския и Черноморския басейн и е един от доминиращите видове риби в българските езера и язовири. В река Камчия (вливаща се в Черно море) видът е регистриран за първи път през 1974 г. През юни 2009 г. в река Камчия са събрани общо 50 екземпляра сребриста каракуда. Стандартната им дължина варира от 95 до 220 mm, а

теглото от 25 до 290 g. Те принадлежат към пет възрастови групи: 11 екземпляра на възраст 1+, 26 екземпляра на възраст 2+, 7 екземпляра на възраст 3+, 5 екземпляра на възраст 4+ и един на възраст 5+. Всички индивиди са полово зрели. Съотношението по пол (женски към мъжки екземпляри) в популацията е 2:1. Скоростта на растеж и факторът на състоянието бяха изследвани и сравнени с други популации на сребрилата каракуда. Общите мускулни протеини и пет ензимни системи на 34 индивида бяха анализирани чрез електрофореза. Всички екземпляри имат три алелен полиморфизъм в локуса *PROT-3**, като честотата на алела *PROT-3**а в популацията на Камчия е най-висока (0,75) в сравнение с други български реки и водоеми. В река Камчия е открит двуалелен полиморфизъм с нулев алел във втората естеразна полиморфна зона (*EST-2**). Наблюдава се експресия на алел а (*EST-2*а*). Всички други ензимни системи (MDH, LDH и SOD) имат общи електрофоретични спектри. Генните честоти на полиморфните локуси (*PROT-3** и *EST-2**) могат да се използват като генетични маркери за разграничаване на популацията на *C. gibelio* в река Камчия.

Г.28. Vassilev, M., Apostolou, A., Velkov, B., Ivanova, P., Panayotova, M., Dobrev, D. Pehlivanov, L. 2011. Status of Gobiid Ichthyofauna (Gobiidae) in Bulgaria: taxonomical, conservative, ecological and social aspects. *Natura Montenegrina* 10(2): 115-124, CD edition (ISSN 1451-5776) and in On-line edition (ISSN 1800-7155).

At present the Bulgarian ichthyofauna includes 24 Gobiid species inhabiting the Black Sea, its rivers and coastal lakes, Danube River and its tributaries, rivers Maritsa and Tundzha (Aegean watershed). Six species live in the Bulgarian Danube section and its tributaries and 2 species are established in the Bulgarian sector of Maritsa River and its major tributary - Tundzha. The Black Sea Gobiid fauna is specific: fourteen species are brackish and freshwater autochthonous Ponto-Caspian relicts and 10 – Mediterranean immigrants. Seventeen species of conservation significance are enlisted in different national and international documents. Alterations in the spatial distribution of some species in Bulgarian waters occur recently. The main commercial target species from catches for the Bulgarian market has occurred to be *Neogobius melanostomus*.

Г.28. Василев, М., Апостолу, А., Велков, Б., Иванова, П., Панайотова, М., Добрев, Д., Пехливанов, Л. 2011. Състояние на ихтиофауната на попчетата (Gobiidae) в България: таксономични, консервативни, екологични и социални аспекти, *Natura Montenegrina* 10(2): 115-124, CD edition (ISSN 1451-5776) and in On-line edition (ISSN 1800-7155).

Към настоящия момент българската ихтиофауна включва 24 вида попчета, населяващи Черно море, реките вливащи се в него и крайбрежни езера, река Дунав и нейните притоци, реките Марица и Тунджа (Беломорски вододел). В българския участък на р. Дунав и нейните притоци се срещат шест вида и два вида са установени в българския сектор на река Марица и големият ѝ приток – р. Тунджа. Фауната на попчетата в Черно море е специфична: четиринадесет вида са бракични и сладководни автохтонни понто-каспийски реликти и десет – средиземноморски имигранти. Седемнадесет вида са с консервационна значимост, вписани в различни национални и международни документи. Напоследък настъпват промени в пространственото разпределение на някои видове в български води. Основният целеви, стопански ценен вид за българския пазар е *Neogobius melanostomus*.

Г.29. Yankova, M., Pavlov, D., Ivanova, P., Karpova, E., Boltachev, A., Bat, L., Oral, M., Mgeladze, M. 2013. Annotated check list of the non-native fish species (Pisces) of the Black Sea, *Journal of the Black Sea / Mediterranean Environment*, 19 (2): 247-255, ISSN:1304-9550

Reviewing published data, we present a list of invasive alien fish species in the Black Sea coast, including data for year and place of the first occurrence in the national waters. Twenty-one species belonging to eight genera are listed.

Г.29. Янкова, М., Павлов, Д., Иванова, П., Карпова, Е., Болтачев, А., Бат, Л., Орал, М., Мгеладзе, М. 2013. Анотиран списък на неместните рибни видове (Риби) от Черно море, *Journal of the Black Sea / Mediterranean Environment*, 19 (2): 247-255, ISSN:1304-9550.

Преглеждайки публикувани данни, представяме списък на инвазивните чужди видове риби по Черноморското крайбрежие, включително данни за годината и мястото на първото появяване в националните води. Изброени са двадесет и един вида, принадлежащи към осем рода.

Г.30. Ivanova, P. P., Dobrovolov, I. S., Bat, L., Kideys, A. E., Nikolsky, V. N., Yuneva, T. V., Shchepkina, A. M., Shulman, G. E. 2013. Application of esterase polymorphism to specify population genetic structure of *Engraulis encrasicolus* (Pisces: Engraulidae) in the Black and Azov Seas, *Marine Ecological Journal*, 12 (4): 45 – 52, ISSN: 1684-1557.

Genetic structure of anchovy populations was studied using genetic-biochemical markers. Anchovy samples collected between 1980 and 2006 from different Black Sea regions (off the Bulgarian, Turkish, Ukraine, and Georgian coasts) as well as from the Sea of Azov were analyzed. Three methods of electrophoresis were applied: starch gel electrophoresis, vertical polyacrylamide electrophoresis, and isoelectric focusing on thin polyacrylamide ampholine gel plates. On the base of long-term monitoring of allelic frequencies of the polymorphic non-specified esterases loci (EST-1* and EST-2*), wintering migration of Azov anchovy may have alternative routs along the western Black Sea coasts. Typical Azov anchovy winter together with the Black Sea anchovy form the mixed populations along the Ukrainian, Georgian, and Turkish Black Sea coasts. Azov anchovy was also registered along Bulgarian coast during the second part of May and July. The results allow supposing the north-western Black Sea as complementary spawning areas of Azov anchovy.

Г.30. Иванова, П. П., Доброволов, И. С., Бат, Л., Кидейс, А. Е., Николски, В. Н., Юнева, Т. В., Шчепкина, А. М., Шулман, Г. Е. 2013. Приложение на естеразния полиморфизъм за уточняване на популационно-генетичната структура на *Engraulis encrasicolus* (Pisces: Engraulidae) в Черно и Азовско море, *Marine Ecological Journal*, 12 (4): 45 – 52, ISSN: 1684-1557.

Генетичната структура на популациите на хамсията е изследвана с помощта на генетико-биохимични маркери. Анализирани са проби от хамсия, събрани между 1980 и 2006 г. от различни черноморски региони (край българското, турското, украинското и грузинското крайбрежие), както и от Азовско море. Приложени са три метода на електрофореза: електрофореза върху скорбелен гел, вертикална електрофореза върху полиакриламиден гел и изоелектрично фокусиране върху тънък полиакриламиден амфолинов гел. Въз основа на многогодишен мониторинг на алелните честоти на полиморфните неспецифични естеразни локуси (*EST-1** и *EST-2**) е доказано, че миграцията за зимуване на азовската хамсия може да има алтернативни пътища по западните

брегове на Черно море. Типичната азовска хамсия зимува заедно с черноморската хамсия като образуват смесени популации по украинското, грузинското и турското черноморско крайбрежие. Азовска хамсия е регистрирана и по българското крайбрежие през втората половина на май и юли. Резултатите позволяват да се приеме, че северозападната акватория на Черно море е допълнително място за хвърляне на хайвера на азовската хамсия.

Г.31. Ivanova, P., Dobrovoly, I., Tsekov, A. 2014. Genetic differentiation between *Mullus barbatus* from north-western part of the Black Sea and *Mullus surmuletus* (Pisces, Mullidae) from Mediterranean, *Ecologia Balkanica*, 6(1): 37-44, ISSN: 1314-0213.

Genetic divergence and phylogenetic relationship of two species *Mullus barbatus* from the western part of Black Sea (Varna) and *M. surmuletus* from the Mediterranean Sea (Thessaloniki) were investigated using the electrophoretic data from enzymatic systems, codifying for 15 putative loci, and the patterns of general muscle proteins (PROT) coded from nine loci. Several loci *PROT-4**, *PROT-5** and *PROT-8** as well as two mMDH and two sMDH loci, and *LDH-A** showed different electrophoretic patterns among species and can be used as species-specific markers. Only one esterase locus (*EST-9**) was found to be polymorphic for both species. The remaining enzymes and proteins were monomorphic. In this study for the first time existence of hybrids between two species were reported. Hybrids were registered in the Mediterranean Sea (Thessaloniki) as well in the northeastern part of Black Sea (Balshoj Utrish) using electrophoresis and isoelectric focusing methods. Genetic distance D_{Nei} (0.526) and time of divergence ($t_{Nei} = 3\ 215\ 000$ years) between *M. barbatus* (Varna Bay) and *M. surmuletus* (Thessaloniki) give evidence for existence of these two well diverged species in one genus.

Г.31. Иванова, П., Доброволов, И., Цеков, А. 2014. Генетична диференциация между *Mullus barbatus* от северозападната част на Черно море и *Mullus surmuletus* (Pisces, Mullidae) от Средиземно море, *Ecologia Balkanica*, 6(1): 37-44, ISSN: 1314-0213.

Генетичната дивергенция и филогенетичната връзка на два вида *Mullus barbatus* от западната част на Черно море (Варна) и *M. surmuletus* от Средиземно море (Солун) са изследвани с помощта на електрофоретичните данни от ензимните системи, кодирани от 15 локуса, и тези на общите мускулни протеини (PROT), кодирани от девет локуса. Няколко локуса от общите мускулни протеини, като *PROT-4**, *PROT-5** и *PROT-8**, както и два mMDH, два sMDH и *LDH-A** показват различни електрофоретични спектри сред видовете и могат да се използват като видо-специфични маркери. Установено е, че само един естеразен локус (*EST-9**) е полиморфен и при двата вида. Останалите ензими и протеини са мономорфни. В това изследване за първи път се съобщава за съществуване на хибриди между двата вида. Хибридите са регистрирани в Средиземно море (Солун), както и в североизточната част на Черно море (Балшой Утриш) с помощта на методи на електрофореза и изоелектрично фокусиране. Генетичното разстояние D_{Nei} (0.526) и времето на дивергенция ($t_{Nei} = 3\ 215\ 000$ години) между *M. barbatus* (Варненски залив) и *M. surmuletus* (Солун) дават доказателства за съществуването на тези два добре дивергентни вида от един род.

Г.32. Nikolov, V., Ivanova, P, Dzhembekova, N., Panayotova, M., Raykov, V., Dobrovolo, I. 2015. Application of allozyme markers for screening of turbot populations along Western Black Sea coast., *ZooNotes*. 79: 1-15, ISSN 1313-9916.

Data for electrophoretic pattern of 26 loci, resolved for the 8 protein systems (7-enzyme and 1-non-enzyme) assayed were used to investigate population structure of turbot along the Bulgarian and Romanian Black Sea coasts using genetic diversity measures. Seventeen loci were polymorphic in all populations and a total of 34 alleles were identified. Four types of tissue: muscle, retina, plasma and haemoglobin were analyzed. The percentage of polymorphic loci was high (65.38%) within populations. A low level of genetic differentiation among populations was detected, based on the Shannon's information index (0.446-0.448) and the coefficient of genetic differentiation between populations ($F_{ST} = 0.014$). The overall mean of within-population inbreeding estimate (F_{IS}) was (-0.209) and demonstrated low level of inbreeding. The genetic distance (D_{Nei}) between the populations was low and vary between 0.003 and 0.014. Genetic distances among turbot populations were positively correlated with geographic distances ($r = 0.474$), but the association was not significant according to the Mantel test ($p=0.651$) and showed a lack of correlation between genetic distance and the geographic location of populations. Results identified one genetic stock with sufficient gene flow between all the three sites to prevent genetic differentiation from occurring. Only 1.4% of the genetic variation was observed among populations. Results revealed that adopting a single stock model and regional shared management could probably be appropriate for sustainable long-term use of turbot along western Black Sea coast. Determination of the contemporary state of the population distribution will be the prerequisite for determination of adequate measures for exploitation and protection of the existing turbot populations along western Black Sea coast.

Г.32. Николов, В., Иванова, П, Джембекова, Н., Панайотова, М., Райков, В., Доброволов, И. 2015. Приложение на алозимни маркери за скрининг на популации на калкан по Западното Черноморие., *ZooNotes*. 79: 1-15, ISSN 1313-9916.

Данните за електрофоретичните спектри на 26 локуса, получени от 8 анализирани протеинови системи (7-ензимни и 1-неензимна), са използвани за изследване на популационната структура на калкана по българското и румънското черноморско крайбрежие и оценка на генетичното разнообразие. Седемнадесет локуса са полиморфни във всички популации и са идентифицирани общо 34 алела. Анализирани са четири вида тъкани: мускул, ретина, плазма и хемоглобин. Процентът на полиморфните локуси в популациите е висок (65,38%). Установено е ниско ниво на генетична диференциация между популациите въз основа на информационния индекс на Шанън (0,446-0,448) и коефициента на генетична диференциация между популациите ($F_{ST} = 0,014$). Средната оценка на инбридинга в рамките на популацията (F_{IS}) е (-0,209) и показва ниско ниво на инбридинг. Генетичното разстояние (D_{Nei}) между популациите е ниско и варира между 0.003 и 0.014. Генетичните разстояния корелират положително с географските ($r = 0,474$), но връзката не е значима според теста на Mantel ($p=0,651$) и показва липса на корелация между генетичното разстояние и географското местоположение на популациите. Резултатите идентифицираха един генетичен запас с достатъчен генен поток между трите местообитания, така че да се предотврати появата на генетична диференциация. Само 1,4 % от генетичните вариации се наблюдават между популациите. Съществуването на един запас и неговото регионално споделяно управление са от значение за устойчиво дългосрочно използване на калкана по западното черноморско крайбрежие. Установяването на съвременното състояние на разпространението на

популацията ще бъде предпоставка за определяне на адекватни мерки за експлоатация и опазване на съществуващите популации на калкана по западното черноморско крайбрежие.

Г.33. Ivanova, P., Nikolov, V., Dzhembekova, N. 2017. New data for invasive pilengas mullet species *Liza haematocheila*, (Temminck and Schlegel, 1845) along Bulgarian Black Sea coast. *Annals of Warsaw University of Life Science - SGGW, Animal Science*, 56, 2: 231-237, ISSN:1898-8830.

New data for invasive pilengas mullet species *Liza haematocheila* (Temminck & Schlegel, 1845) along Bulgarian Black Sea coast. *Liza haematocheila* (Temminck & Schlegel) (syn. *Mugil soiuy* Basilewsky) is an invasive mugilid species, native to the Amu Darya River basin. After numerous introduction attempts to support commercial fisheries, this species established a successful breeding population in the Sea of Azov during the early 1980s. This invasive species expanded its areal of distribution and has been recorded for north-eastern Black Sea, Turkish coast, Aegean Sea and Western Mediterranean. The present study covered new data for morphometrical and meristic characteristics of the specimens caught along Bulgarian Black Sea coast as well as genetic-biochemical evidence for species identification.

Г.33. Иванова, П., Николов, В., Джембекова, Н. 2017. Нови данни за инвазивния вид пиленгас *Liza haematocheila*, (Temminck and Schlegel, 1845) по българското черноморско крайбрежие. *Annals of Warsaw University of Life Science – SGGW, Animal Science*, 56, 2: 231-237, ISSN:1898-8830.

Liza haematocheila (Temminck & Schlegel) (синоним на *Mugil soiuy* Basilewsky) е инвазивен кефалов вид риба, местен за басейна на река Амударя. След многобройни опити за интродуциране в подкрепа на търговския риболов, този вид създава успешна размножаваща се популация в Азовско море в началото на 80-те години. Този инвазивен вид разшири ареала си на разпространение и е регистриран в североизточната част на Черно море, турското крайбрежие, Егейско море и западното Средиземноморие. Настоящото изследване включва нови данни за морфометричните и меристични характеристики на екземплярите, уловени по българското черноморско крайбрежие, както и генетико-биохимични доказателства за идентифициране на вида.

Г.34. Ivanova, P. P., Dzhembekova, N., Kardjeva, V., Tsekov A. G., Raykov, V. S. 2017. Microsatellite and allozyme variations in starlet sturgeon wild broodstock and hatchery-produced offspring, used for restocking of Lower Danube River. *Journal of Aquaculture Engineering and Fisheries Research*, 3(4): 199-206, doi: 10.3153/JAEFR17022, E-ISSN 2149-0236.

The natural population of all sturgeon species has been seriously affected by overexploitation in combination with a substantial loss and degradation of habitats during the 20th century. Fish species undergoing to restocking require information about the genetic identity of the existing fish populations. The genetic pattern of sterlet (broodstock and offspring) were analyzed, using allozymes and seven microsatellite loci (LS19, LS34, LS39, LS54, LS68, Aox45 and Aox27) as markers for species identification. From the seven microsatellite loci three (LS57, Aox23 and Aox45) have shown a tetrasomic profile. The most polymorphic locus for the broodstock was LS-57 with 12 alleles in population, followed by Aox45, LS-68 and LS-54 with 10 alleles. For offspring, the most polymorphic locus was Aox 23 with 11 alleles. Other loci presented a lower level of polymorphism range between 2 to 8 alleles identified for the analyzed individuals. The average observed and expected heterozygosities were

0.429 and 0.413 in the broodstock and 0.500 and 0.423 in the offspring, respectively. The preliminary data showed that selected allozymes and microsatellite markers allow identification of the stellate sturgeon from Bulgarian farms and could be applied to test and control the broodstocks used for restocking programmes. respectively. The preliminary data showed that selected allozymes and microsatellite markers allow identification of the stellate sturgeon from Bulgarian farms and could be applied to test and control the broodstocks used for restocking programmes.

Г.34. Иванова, П. П., Джембекова, Н. С., Кърджева, В., Цеков, А. Г., Райков, В. С. 2017. Микросателитни и алозимни вариации в маточното стадо на чигата, с див произход и неговото потомство, получено в люпилни и използвано за възстановяване на запасите на вида по долното течение на река Дунав. *Journal of Aquaculture Engineering and Fisheries Research*, 3(4): 199-206, doi: 10.3153/JAEFR17022, E-ISSN 2149-0236.

През 20 век естествените популации на всички есетрови видове са били сериозно засегнати от свръхексплоатация в комбинация със значителна загуба и деградация на местообитанията. Видовете риби, подложени на възстановяване, изискват информация за генетичната идентичност на съществуващите рибни популации. Генетичната структура на чигата (маточно стадо и потомство) беше анализирана, чрез използване на алозими и седем микросателитни локуса (LS19, LS34, LS39, LS54, LS68, Aox45 и Aox27) като маркери за идентифициране на вида. От седемте микросателитни локуса три (LS57, Aox23 и Aox45) са показали тетразомен профил. Най-полиморфният локус за маточното стадо е LS-57 с 12 алела в популацията, следван от Aox45, LS-68 и LS-54 с 10 алела. За потомството най-полиморфният локус е Aox 23 с 11 алела. Други локуси представят по-ниско ниво на полиморфизъм в диапазона между 2 до 8 алела, идентифицирани за анализирани индивиди. Средната наблюдавана и очаквана хетерозиготност са съответно 0,429 и 0,413 в маточното стадо и 0,500 и 0,423 в потомството. Предварителните данни показаха, че избраните алозимни и микросателитни маркери позволяват идентифициране на есетрови риби от българските развъдни стопанства и могат да бъдат приложени за тестване и контрол на маточното стадо, използвано в програмите за възстановяване на запасите.

Г.35. Turan, C., Ivanova, P., Soldo, A. 2016. Structuring and Migration Pathway of Atlantic bonito. *Sarda sarda. Natural and Engineering Sciences*, 1 (3): 56-65, (e-ISSN:2458-8989).

Population structure of Atlantic Bonito *Sarda sarda* in the Mediterranean Sea and possible pathway of migration for spawning and feeding was discussed on the bases of genetic and morphological dataset. The effects of topographic and hydrographic factors on the connectivity and migration pattern of Atlantic Bonito in Turkish, Bulgarian and Croatian marine waters and fishery management implications of putative stocks were correspondingly referred.

Г.35. Туран, Дж., Иванова, П., Солдо, А. 2016. Структуриране и миграционен път на паламуда *Sarda sarda*, *Natural and Engineering Sciences*, 1 (3): 56-65, 2016, (e-ISSN:2458-8989).

Структурата на популацията на паламуда *Sarda sarda* в Средиземно море и възможните пътища на миграция за хвърляне на хайвера и отхранване бяха анализирани на базата на набор от генетични и морфологични данни. Посочени бяха ефектите на топографските и хидрографски фактори върху свързаността и миграцията на паламуда в турски, български и хърватски морски води и последиците за запасите и управлението на риболова.

Г.36. Turan, C., Ivanova, P., Gürlek, M., Yağlıoğlu, D., Ergüden, D., Karan, S., Doğdu, S., Uyan, A., Öztürk, B., Nikolov, V., Raykov, V., Dobrovlov, I., Khanaychenko, A. 2019. Phylogenetic relationships of turbot species (Scophthalmidae) inferred from the mitochondrial COIII gene and morphological characters. *Natural and Engineering Sciences*, 4, 1, 9, 28-41, ISSN:2458-8989.

In this study, the validity, distribution and structure of three turbot species, *Scophthalmus maeoticus*, *S. maximus*, *S. rhombus*, belong to Scophthalmidae family in Turkish, Bulgarian and Russian coastal waters were determined with mtDNA sequencing of Cytochrome c oxidase subunit III (COIII). The sequencing of the COIII region revealed 8 bp variable and 6 bp parsimony informative sites between all turbot species. The overall genetic and haplotype diversities among all turbot species were found to be 0.004109 and 0.7655, respectively. Genetic distance analysis showed that the highest nucleotide differences was observed between *S. maximus* and *S. rhombus* species with a value of 0.09620 and, the lowest value (0.02482) was observed between *S. maximus* and *S. maeoticus* species. Neighbor Joining and Maximum Parsimony phylogenetic approaches resulted in the similar tree topologies that *S. maximus* and *S. maeoticus* were found as sister group, whereas *S. rhombus* was more divergent from this group. The mtDNA COIII gene is a useful genetic marker for species specific identification of the genus *Scophthalmus* due to its inter-specific heterogeneity producing a species-specific pattern. In morphological analyses, *S. rhombus* was most differentiated from *S. maximus* and *S. maeoticus*. The genetic data was supported by the detected morphometric variations among the turbot species.

Г.36. Туран, Дж., Иванова, П., Гюрлек, М., Яглиоглу, Д., Ердюджен, Д., Каран, С., Доджу, С., Уян, А., Озтурк, Б., Николов, В., Райков, В., Доброволов, И., Канайченко, А. 2019. Филогенетични връзки на видове калкан (Scophthalmidae), низведени на база на митохондриалния COIII ген и морфологични характеристики. *Natural and Engineering Sciences*, 4, 1, 28-41, ISSN:2458-8989.

В това изследване валидността, разпространението и структурата на три вида калкан, *Scophthalmus maeoticus*, *S. maximus*, *S. rhombus*, принадлежащи към семейство Scophthalmidae от турски, български и руски крайбрежни води бяха определени със секвениране на субединицата на цитохром с оксидаза III (COIII) на митохондриалната ДНК. Секвенирането на COIII региона разкрива 8 bp променливи и 6 bp parsimony информативни участъци между всички видове калкан. Установено е генетичното и хаплотипно разнообразие със стойности съответно 0,004109 и 0,7655. Анализът на генетично разстояние показва, че най-високите нуклеотидни разлики се наблюдават между видовете *S. maximus* и *S. rhombus* със стойност 0,09620, а най-ниската стойност (0,02482) се наблюдава между *S. maximus* и *S. maeoticus*. Филогенетични анализи на Neighbor Joining и Maximum Parsimony доведе до подобни топологии на филогенетичните дървета, при които *S. maximus* и *S. maeoticus* формират сестринска група, докато *S. rhombus* се различаваше повече от тази група. Генът mtDNA COIII е приложим генетичен маркер за видово специфична идентификация на род *Scophthalmus* поради неговата междувидова специфична хетерогенност. При морфологичните анализи *S. rhombus* беше най-отдалечен от другите два вида. Генетичните данни бяха подкрепени от установените морфометрични вариации сред видовете калкан.

Г.37. Ivanova, P., Petrova, E. 2018. Identification of black mussel (*M. galloprovincialis*, Lamark, 1819) populations in two zones in northern Bulgarian Black Sea part based on esterases polymorphism. 14th Int. Conference on Marine Science and Technology "Black Sea", 155-161, ISSN:1314-0957.

Esterases as specific markers were analyzed to assess the genetic diversity of investigated black mussel (*Mytilus galloprovincialis*) populations in two zones along the northern Bulgarian Black Sea coast. Isoelectric focusing on muscleunspecific esterases (EST) on polyacrylamide Ampholone gel with pH gradients between 3.5–10.0 was carried out. Two polymorphic loci (*EST-1** and *EST-2**) with three allele system of inheriting were found. Low genetic distance ($D_{Nei} = 0,010$) between the samples from the two localities was observed. The registered excess of homozygosity could be explained with population subdivision structure. The values of mean F_{ST} (0,008) and gene flow (N_m) showed low level of genetic differentiation, which indicate an unrestricted gene flow among them.

Г.37. Иванова, П., Петрова, Е. 2018. Идентификация на популациите на черна мида (*M. galloprovincialis*, Lamark, 1819) в две зони в северната част на Българското Черноморие въз основа на полиморфизъм на естеразите. 14th Int. Conference on Marine Science and Technology "Black Sea", 155-161, ISSN:1314-0957.

Естеразите като специфични маркери бяха анализирани за оценка на генетичното разнообразие на изследваните популации на черната мида (*Mytilus galloprovincialis*) в две зони по северното Българско Черноморие. Извършено е изоелектрично фокусиране на неспецифичните естерази (EST) върху полиакриламиден амфолонов гел с рН градиенти между 3,5–10,0. Открити са два полиморфни локуса (*EST-1** и *EST-2**) с три аелна система на унаследяване. Наблюдава се ниска генетична дистанция ($D_{Nei} = 0,010$) между пробите от двете находища. Регистрираният излишък на хомозиготи може да се обясни със структурата на подразделяне на популацията. Стойностите на средния F_{ST} (0,008) и генния поток (N_m) показват ниско ниво на генетична диференциация, което показва неограничен генен поток между тях.

Г.38. Dzhenbekova, N., Ivanova, P., Moncheva, S., Nagai, S. 2018. Taxonomic diversity of marine sediments from the Black Sea: next-generation sequencing survey. 14th Int. Conference on Marine Science and Technology "Black Sea", 2018, ISSN:1314-0957, 162-167.

Marine sediment biodiversity from 13 stations located in different areas across the Black Sea (coastal, shelf and open sea) was investigated by a next generation sequencing-based method. A set of primers to target the V7-9 18S rRNA region was applied. From the dataset including a total number of 2,483,047 sequences, 63% were clustered at 98% of similarity. Opisthokonta, Viridiplantae, and Alveolata were the most taxonomically diverse, accounting for over 20% of the total operational taxonomic units number each. The data received confirmed the high eukaryotic diversity harbored in marine sediments. High throughput sequencing is a promising approach to explore the biodiversity stored in environmental sediment samples.

Г.38. Джембекова, Н., Иванова, П., Мончева, С., Нагай, С. 2018. Таксономично разнообразие на морските седименти от Черно море: изследване чрез секвениране от следващо поколение, 14th Int. Conference on Marine Science and Technology "Black Sea", 2018, ISSN:1314-0957, 162-167.

Биоразнообразието на морските седименти от 13 станции, разположени в различни райони на Черно море (крайбрежни, шелфови и откритоморски), беше изследвано чрез секвениране от ново поколение. Приложен е набор от праймери, насочен към V7-9 18S rRNA региона. От набора от данни, включващ общо 2 483 047 секвенции, 63% са групирани при 98% сходство. Opisthokonta, Viridiplantae и Alveolata са най-разнообразни от таксономична гледна точка, като всяка от тях представлява над 20% от общия брой на оперативните таксономични единици. Получените данни потвърждават голямото еукариотно разнообразие в морските седименти. Секвенирането от ново поколение е обещаващ подход за изследване на биоразнообразието, съхранявано в проби от седименти от околната среда.

Г.39. Dzhembekova, N., Moncheva, S., Ivanova, P., Slabakova, N., Nagai, S. 2020. Molecular taxonomy – new insights for potentially toxic phytoplankton species in the Black Sea. Humboldt Kolleg - Science without Borders: Alexander von Humboldt's Concept in Today's World, Proceedings, ISBN 978-619-00-1217-7.

The innovative metagenetic approach was applied to both water column and sediment samples to explore “realized” and “hidden” microalgal diversity. The results revealed much higher microalgal species diversity in the Black Sea than previously described. In planktonic communities, 13 operational taxonomic units (OTUs) associated with potentially toxic species were detected, based on amplifying 18S V4-V5rRNA gene regions from some of them (e.g. *Aureococcus anophagefferens*, *Karenia bicuneiformis*, *Karlodinium veneficum* and *Pfiesteria piscicida*) hereby reported for the first time in the Black Sea. Among the resting stages in the benthic communities assessed by using 18 S V7-V9 r RNA gene regions, 21 OTUs were assigned to harmful microalgae, most of them not yet identified morphologically in Black Sea sediments (e.g. *Azadinium dexteroporum*, *A.popororum*, *Amphidoma longuda*, *Karenia papilionacea*, and *Fibrocapsa japonica*). The new approach provides a perspective for more precise identification of species and, in particular, for detection of harmful algal bloom species and their resting stages, which is instrumental for the implementation of robust monitoring programs and ecological risk assessment studies.

Г. 39. Джембекова, Н., Мончева, С., Иванова, П., Слабакова, Н., Нагай, С. 2020. Молекулярната таксономия – ново познание за потенциално токсичните видове фитопланктон в Черно море. Humboldt Kolleg - Science without Borders: Alexander von Humboldt's Concept in Today's World, Proceedings, ISBN 978-619-00-1217-7.

Иновативният метагенетичен подход е приложен за анализ на проби както от водния стълб, така и от седименти, за да се изследва „видимото“ и „скритото“ разнообразие от микроводорасли. Резултатите разкриват много по-голямо разнообразие на микроводорасли в Черно море в сравнение с описаните по-рано. В планктонните съобщества са открити 13 оперативни таксономични единици (OTU), на базата на амплифициране на 18S V4-V5rRNA генни региони, свързани с потенциално токсични видове някои от които (*Aureococcus anophagefferens*, *Karenia bicuneiformis*, *Karlodinium veneficum* и *Pfiesteria piscicida*) са съобщени за първи път в Черно море.

Сред етапите на покой в бентосните съобщества, оценени чрез използване на 18 S V7-V9 r РНК генни региони, 21 OTUs бяха определени като вредни микроводорасли, повечето от които все още не са идентифицирани морфологично в седиментите на Черно море (напр. *Azadinium dexteroporum*, *A. poporum*, *Amphidoma longuda*, *Karenia papilionacea* и *Fibrocapsa japonica*). Новият подход предоставя перспектива за по-прецизно идентифициране на видовете и особено за откриване на видове, предизвикващи вредни цъфтежи в етапите на покоящите им стадии, което е инструмент за прилагане на ефективни програми за мониторинг и проучвания за оценка на екологичния риск.

Г.40. Ivanova, P., Dzhembekova, N., Atanassov, I., Rusanov, K., Raykov, V., Zlateva, I., Yankova, M. 2020. Applicability of Control Region of Mitochondrial DNA for Assessment of Turbot Populations Along the Bulgarian Black Sea Coast. *Proceeding of 1st International conference on Environmental protection and disaster RISKS*, 2020, e-ISBN 978-619-7065-39-8.

Turbot is a valuable commercial fish species classified as endangered. Knowledge of the level and distribution of genetic diversity in turbot is important for designing conservation strategies for their sustainable survival and to preserve their evolutionary potential. Mitochondrial control region sequences were investigated to evaluate variability in population genetic structure of one population along the northern Black Sea coast. 19 CR haplotypes were found in the Shabla population, which were shared with turbot haplotypes, previously described for the Black Sea and the Mediterranean. A pattern with a high level of haplotype diversity ($h = 0.954 \pm 0.022$) and a very low level of nucleotide diversity ($\pi = 0.00563 \pm 0.00063$) indicated a high number of closely related haplotypes and suggested that this population may have undergone a recent expansion. Tajima's D test and Fu's FS test both suggest recent population growth. The haplotypes found in the Shabla population were typical for the north Black Sea populations and could be used for distinguishing the population along the Bulgarian Black Sea coast.

Г.40. Иванова, П., Джембекова, Н., Атанасов, И., Русанов, К., Райков, В., Златева, И., Янкова, М. 2020. Приложимост на контролния регион на митохондриалната ДНК за оценка на популациите на калкана по българското черноморско крайбрежие. *Proceeding of 1st International conference on Environmental protection and disaster RISKS*, 2020, e-ISBN 978-619-7065-39-8.

Калканът е ценен промишлен вид риба, класифициран като застрашен. Познаването на нивото и разпространението на генетичното разнообразие при калкана е важно за разработването на стратегии за оцеляване и за запазване на техния еволюционен потенциал. Секвенциите на митохондриалния контролен регион бяха изследвани, за да се оцени вариабилността в популационно-генетичната структура на една популация калкан по северното черноморско крайбрежие. Открити са 19 CR хаплотипа в популацията на Шабла, които са срещани по-рано при калкана в Черно и Средиземно морета. Високото ниво на хаплотипно разнообразие ($h = 0,954 \pm 0,022$) и много ниско ниво на нуклеотидно разнообразие ($\pi = 0,00563 \pm 0,00063$) показва голям брой тясно свързани хаплотипове и предполага, че тази популация може да е претърпяла скорошно разширяване. D тестът на Tajima и F_S тестът на Fu предполагат скорошен ръст на популацията. Установените за популацията на Шабла хаплотипове са характерни за тези, наблюдавани за северното черноморско крайбрежие и могат да се използват за разграничаването на популациите по българското черноморско крайбрежие.

Г.41. Bat, L., Ivanova, P., Dobrovolov, I., Shulman, G.E., Nikolsky, V.N., Yuneva, T.V., Shchepkina, A.M., Kideys, A.E. 2007. The population structure of the Black Sea anchovy. *Aquaculture & Fisheries*, 2, 51-56, ISSN 1306-0570.42.

The European anchovy *Engraulis encrasicolus* L., a shoaling clupeoid fish, is distributed along the eastern Atlantic coast from Scandinavia to West Africa, and is also found in the Mediterranean, Black and Azov Seas (Whitehead et al., 1998). Kalnina, Kalnin (1984), Kalninet al. (1984), Kalnin, Kalnina (1985) examined introgressive hybridization of two anchovy races in the Black Seas, using biochemical-genetic methods. Dobrovolov (1976,1978,1987 and 1992), Dobrovolov et al., (1980) and Ivanova, Dobrovolov (2006) on the basis of allozyme analyses, studied the phylogenetic relationship between *E. encrasicolus* from the Atlantic Ocean and the Mediterranean Basin. One of the aim of the project is to clarify population structure of anchovy in the different regions of the Black Sea using genetic-biochemical markers.

Г.41. Бат, Л., Иванова, П., Доброволов, И., Шулман, Г. Е., Николски, В. Н., Юнева, Т. В., Щепкина, А. М., Кидейс, А. Е. 2007. Структурата на популацията на черноморската хамсия, *Aquaculture & Fisheries*, 2, 51-56, ISSN 1306-0570.

Европейската хамсия *Engraulis encrasicolus* L., стадна риба от семейство Clupeidae, е разпространена по източното крайбрежие на Атлантическия океан от Скандинавия до Западна Африка и се среща също в Средиземно, Черно и Азовско морета (Whitehead et al., 1998). Kalnina, Kalnin (1984), Kalnin et al. (1984), Калнин, Калнина (1985) изследват интрогресивната хибридизация на две раси хамсия в Черно море, използвайки биохимико-генетични методи. Доброволов (1976,1978,1987 и 1992), Доброволов и др., (1980) и Иванова, Доброволов (2006) на базата на алозимен анализ изследват филогенетичната връзка между *E. encrasicolus* от Атлантическия океан и Средиземноморския басейн. Една от целите на проекта е да се изясни популационната структура на хамсията в различните региони на Черно море с помощта на генетично-биохимични маркери.

Г.42. Turan, C., Karan, S., Yaglioglu, D., Ivanova. P., Nikolov. V. 2019. Application of Fourier and Truss methods for otolith shape structuring of turbot *Scophthalmus maximus* populations. *Proceeding of Next Generation Biometry Workshop and Course. Published by Natural and Engineering Sciences, Iskenderun, Turkey, 2019, 77p, ISSN 2458-8989.*

Fourier and Truss Methods were applied on otolith shapes of turbot *Scophthalmus maximus* populations. Turbot samples were collected from Bandırma in the Marmara Sea, and Sakarya and Giresun in the Black Sea. Otoliths from these samples were removed and cleaned with glycerol, and images of each otolith were taken with digital camera. Images of each otolith were analysed with BioMorph with Fourier and Measurements applications. The results of both analyzes were in accordance and exhibited that the Marmara Sea (Bandırma) population revealed otolith shape from the West Black Sea (Sakarya) and East Black Sea (Giresun) populations. The Fourier method seems to be more powerful than the otolith Truss method for stock discrimination of turbot.

Г.42. Туран, Ч., Каран, С., Яглиоглу, Д., Иванова, П., Николов, В. 2019. Приложение на методите на Фурие и Трас за структуриране на формата на отолита при популации на калкана *Scophthalmus maximus*. *Proceeding of Next Generation Biometry Workshop and Course. Published by Natural and Engineering Sciences, Iskenderun, Turkey, 2019, 77p, ISSN 2458-8989.*

Методите на Фурие и Трас бяха приложени върху формата на отолитите при популациите на калкана *Scophthalmus maximus*. Проби от калкан бяха събрани от Bandırma в Мраморно море и Sakarya и Giresun в Черно море. Отолитите от тези проби бяха отстранени и почистени с глицерол и изображения на всеки от тях бяха направени с цифрова камера. Те бяха анализирани с BioMorph приложения за Фурие метода и за оразмеряване на отолита. Резултатите от двата анализа бяха в съответствие и показаха, че популацията на Мраморно море (Bandırma) разкрива форма на отолита характерна за популациите в западната част на Черно море (Sakarya), докато тази от Giresun за източната част на Черно море. Методът на Фурие изглежда по-приложим от метода на отолита на Трас за разграничаване на запасите от калкан.

ПУБЛИКАЦИИ ИЗВЪН ШИФЪРА ПО КОЙТО Е ОБЯВЕН КОНКУРСА

Radanova, M. A., Ivanova, P. P., Ivanova, D.G. 2015. Analysis of healthy cohorts for single nucleotide polymorphisms in C1q gene cluster. *Journal of Bioscience and biotechnology*, 4, 3, Plovdiv University Press "Paisii Hilendarski", ISSN: 1314-6246, 365 – 370.

C1q is the first component of the classical pathway of complement activation. The coding region for C1q is localized on chromosome 1p34.1–36.3. Mutations or single nucleotide polymorphisms (SNPs) in C1q gene cluster can cause developing of Systemic lupus erythematosus (SLE) because of C1q deficiency or other unknown reason. We selected five SNPs located in 7.121 kbp region on chromosome 1, which were previously associated with SLE and/or low C1q level, but not causing C1q deficiency and analyzed them in terms of allele frequencies and genotype distribution in comparison with Hispanic, Asian, African and other Caucasian cohorts. These SNPs were: rs587585, rs292001, rs172378, rs294179 and rs631090. One hundred eighty five healthy Bulgarian volunteers were genotyped for the selected five C1q SNPs by quantitative real-time PCR methods. International HapMap Project has been used for information about genotype distribution and allele frequencies of the five SNPs in, Hispanics, Asians, Africans and others Caucasian cohorts. Bulgarian healthy volunteers and another pooled Caucasian cohort had similar frequencies of genotypes and alleles of rs587585, rs292001, rs294179 and rs631090 SNPs. Nevertheless, genotype AA of rs172378 was significantly overrepresented in Bulgarians when compared to other healthy Caucasians from USA and UK (60% vs 31%). Genotype distribution of rs172378 in Bulgarians was similar to Greek-Cyriot Caucasians. For all Caucasians the major allele of rs172378 was A. This is the first study analyzing the allele frequencies and genotype distribution of C1q gene cluster SNPs in Bulgarian healthy population.

Раданова, М. А., Иванова, П. П., Иванова, Д.Г. 2015. Анализ на здрави кохорти за единични нуклеотидни полиморфизми в C1q генен клъстер. *Journal of Bioscience and biotechnology*, 4, 3, Plovdiv University Press "Paisii Hilendarski", ISSN: 1314-6246, 365 – 370.

C1q е първият компонент на класическия път на активиране на комплемента. Кодираният регион за C1q е локализиран на хромозома 1p34.1–36.3. Мутации или единични нуклеотидни полиморфизми (SNP) в C1q генния клъстер могат да причинят развитие на системен лупус еритематозус (SLE) поради дефицит на C1q или друга неизвестна причина. Избрахме пет SNPs, разположени в 7.121 kbp регион на хромозома 1, които преди това бяха свързани със SLE и/или ниско ниво на C1q, но не причиняват дефицит на C1q и ги анализирахме по отношение на честотите на алелите и разпределението на генотипа в сравнение с испански, азиатски, африкански и други кавказки кохорти. Тези SNP бяха: rs587585, rs292001, rs172378, rs294179 и rs631090. Сто осемдесет и пет здрави български доброволци бяха генотипирани за избраните пет C1q SNP чрез количествени PCR методи в реално време. Международният проект HapMap е използван за информация относно разпределението на генотипите и честотите на алелите на петте SNP в латиноамерикански, азиатски, африкански и други кавказки кохорти. Български здрави доброволци и друга обединена кавказка кохорта имат подобни честоти на генотипове и алели на rs587585, rs292001, rs294179 и rs631090 SNPs. Въпреки това, генотип AA на rs172378 е значително свръхпредставен при българите в сравнение с други здрави кавказци от САЩ и Обединеното кралство (60% срещу 31%). Генотипното разпределение на rs172378 при българите е подобно на гръцко-кириотските кавказци. За всички кавказци основният алел на rs172378 е А. Това е първото изследване, анализиращо честотите на алелите и разпределението на генотипа на C1q генни клъстерни SNPs в българска здрава популация.

НАУЧНО-ТЕХНИЧЕСКИ ДОКЛАДИ С ISBN

1. Yankova, M., Raykov, V., Ivanova, P., Dzembekova, N. 2020. Biological monitoring of landings of commercially important species, ISBN 978-619-245-078-6, DOI:<https://doi.org/10.7546/IO.BAS.2020.5>, 131 pp.

Fish are an important component of aquatic ecosystems through their role as consumers of other organisms and they can have a significant influence on the structure and function of these ecosystems. Because of this, adverse effects on fish can have adverse flow-on effects on other aquatic organisms even if they are not directly affected by those changes in water quality. Monitoring of fish communities can, therefore, provide a useful indicator of the ecological health of natural waters. Fish are sensitive to many changes in water quality and habitat structure caused by human activities and by natural causes. Common adverse anthropogenic effects on fish can result from many factors including: contamination of water by waste metal pollution, pesticides, salinity and organic wastes and nutrients causing either direct effects on fish health or indirect effects on the oxygen climate in the water through eutrophication; and physical habitat changes such as thermal pollution, changes in stream flow regime, stream bed aggradation, de-snagging, and land clearance, especially in riparian zones. Consequently, as well as their intrinsic biodiversity value and the human food value of some species, fish can be useful indicators of the impact of many different human activities on the environmental health of a water body. Multiannual biological monitoring on landings provides the so called “Fishery dependent” information. The Black Sea sprat (*Sprattus sprattus* L.) is a key species in the Black Sea ecosystem. The aim of this study was to collect and to analyze dynamics in length, weight and age distribution as well as to determine the condition of the sprat species using the so-called Fulton’s condition factor. The condition factor is also a useful index for monitoring of feeding intensity, age, and growth rates in fish. It is strongly influenced by both biotic and abiotic environmental conditions and can be used as an index to assess the status of the aquatic ecosystem in which fish live. Biological information on sprat species collected each month, analyzed and compared to previous periods could be used for estimation of growth parameters. These indicators are very important for the short-lived species. Reliable and informative long-term data are crucial for the assessment of fish stocks, fisheries management and the decision-making process in general.

1. Янкова, М., Райков, В., Иванова, П., Джембекова, Н. 2020. Биологичен мониторинг на разтоварванията на стопански ценни видове, ISBN 978-619-245-078-6, DOI:<https://doi.org/10.7546/IO.BAS.2020.5>, 131 с.

Рибите са важен компонент на водните екосистеми и като хранещи се с други организми имат значително влияние върху структурата и функцията на тези екосистемите. Поради това неблагоприятните ефекти върху рибите могат да имат неблагоприятни ефекти и върху други водни организми. Следователно мониторингът на рибните съобщества може да бъде индикатор за екологичното здраве на природните води. Рибите са чувствителни към много промени в качеството на водата и структурата на местообитанията, причинени от човешката дейност и естествени причини. Често срещаните неблагоприятни антропогенни въздействия върху рибите могат да бъдат резултат от много фактори, включително: замърсяване на водата, причинено от отпадъчни метали, пестициди, органични отпадъци и хранителни вещества, причиняващи пряко въздействие върху здравето на рибите или косвено въздействие чрез еутрофикация; и физически промени в местообитанията, като топлинно замърсяване, промени в режима на теченията, отлагане на седимент (аградация), премахване на препятствия и почистване от естествена растителност,

особено в крайречните зони. Следователно, наред с тяхната значимост за биоразнообразието и хранителната стойност на някои видове за хората, рибите могат да бъдат полезни индикатори за въздействието на много различни човешки дейности върху здравето на околната среда. Многогодишният биологичен мониторинг на разтоварванията предоставя така наречената „Зависима от рибарството“ информация. Черноморската трицона (*Sprattus sprattus* L.) е ключов вид за черноморската екосистема. Целта на това изследване е да се анализира динамиката в разпределението на дължината, теглото и възрастта, както и да се определи състоянието на вида, като се използва кондиционния фактор на Фултън. Този фактор също е приложим индекс за наблюдение на интензивността на хранене, възрастта и темповете на растеж при рибите. Той е силно повлиян както от биотичните, така и от абиотичните условия на околната среда и може да се използва като индекс за оценка на състоянието на водната екосистема, в която живеят рибите. Биологичната информация за видовете трицона, събирана всеки месец, анализирана и сравнена с предишни периоди, може да се използва за оценка на параметрите на растежа. Тези показатели са много важни за видовете с кратък жизнен цикъл. Надеждните и информативни дългосрочни данни са от решаващо значение за оценката на рибните запаси, управлението на рибарството и процеса на вземане на решения като цяло.

2. Raykov, V. St., Yankova, M., Ivanova, P., Mihneva, V., Dimitrov, D. P., Stefanova, K., Stefanova, E., Kotsev, I., Dzembekova, N., Zlateva, I. 2020. Pelagic trawl surveys in the Bulgarian marine area 2017-2019, ISBN:978-619-245-070-0, DOI:10.7546/IO.BAS.2020.5, 269 pp.

Pelagic Trawl Surveys were accomplished in October-December 2017; October-December 2018; June 2019 and October-November 2019 in the Bulgarian Black Sea zone. A scientific team has produced a biological analysis of the results obtained from the surveys. The biological analysis is based on the biomass of the species found during the study. Besides, an analysis of the distribution and abstraction of the other species caught as by-catch is presented. Sprat (*Sprattus sprattus*) is a key species for the Black Sea ecosystem. Together with the anchovy, sprat is one of the most abundant, planktivorous, pelagic species. The level of its stocks depends on the conditions of the environment mainly and on the fishing effort (Raykov, 2007; Raykov et al., 2007; Raykov et al., 2011). The changes in the environment due to anthropogenic impact affect the dry land as well as the world ocean. The level of sea pollution and its “self-purifying” ability is completely different. There is a clear indication of changes in the natural equilibrium in the corresponding ecological niches (Prodanov et al., 1997). The greatest impact on the world ocean has commercial fishery, which directly devastates a significant part of the given species populations. As a result of this, some of the species stocks are declined or depleted. As a result of the excessive exploitation, altered habitats and climatic variations numerous of the commercial species are critically endangered or vulnerable. The abundance of the given fish species generations is dependent on different abiotic and biotic factors. With great importance is the level of fishing mortality, changes in trophic levels due to mass occurrence of the ctenophore *Mnemiopsis leidyi*, algal blooms which lead to hypoxia in the shallower waters with mass mortality of the bottom-dwelling organisms, etc. The recent state of the sprat stock biomass (aggregations) off the Bulgarian Black sea coast show relative stability, i.e. taking into consideration the almost constant level of exploitation (in the western and north-western part of the Black Sea) in recent years, the stock has not yet been sufficiently exploited. Estimates of the number and size distributions of fish stocks based on experimental trawling have become a necessity in fisheries management (Godø et al., 1990). The main assumption in these studies is that the level of catches is constant, no matter how long the trawling is. Any deviation from the linear dependence

between the catch and the magnitude of the effort applied to the fishery can have a significant impact on the composition of the catches and the estimates of the numbers and deviate from the results of the trawl studies (Wassenberg et al., 1998). The duration of the fishing effort during the trawling period may last up to 200 min (Godø et al., 1990), but for economic reasons, together with the need for multiple reps and maintaining statistical validity, the duration of trawling is reduced. Thus, the standard trawl duration varies from 30 to 120 minutes for each selected station. Some authors (Godø et al., 1990; Somerton et al., 2002; Wassenberg et al., 2002) allow larger specimens to swim in the trawl without entering the bag and that trawls of varying lengths may affect the levels of the catches and the size distribution of the trawl. In this way, some size groups may not be captured in short-haul trawls. The average catch per unit of effort or unit area is the inventory of the stock (assumed to be proportional to the stock) (Beverton and Holt, 1957). These indices can be converted into an absolute measure for biomass by the so-called “area method” which is also referred to as a holistic method (www.fao.org). All analyses are based on biomass and density estimates and geographical strata. All the teams calculated their standard statistical estimates using the same software. This report presents successively the results obtained at these two levels. The regional reports are presented in order following the coast, from the northern to the southern part of the Black Sea. The document is completed by a series of tables and figures related to the biomass/abundance indices and length-frequency distributions of the species included in the reference list.

2. Райков, В. Ст., Янкова, М., Иванова, П., Михнева, В., Димитров, Д. П., Стефанова, К., Стефанова, Е., Коцев, И., Дзембекова, Н., Златева, I. 2020. Проучвания с пелагичен трал в българската морска зона 2017-2019, ISBN:978-619-245-070-0, DOI:10.7546/IO.BAS.2020.5, 269 pp.

Проучванията с пелагичен трал бяха извършени през октомври-декември 2017 г., октомври-декември 2018 г., юни и октомври-ноември 2019 г. в българската черноморска зона. Направен е биологичен анализ на резултатите от проучванията, базирани на биомасата на видовете. Представен е анализ на разпространението и на другите видове, част от приулова. Трицоната (*Sprattus sprattus*) е ключов вид за черноморската екосистема. Заедно с хамсията, трицоната е един от най-разпространените планктоядни пелагични видове. Нивото на запасите и зависи основно от условията на околната среда, но и от риболовното усилие (Райков, 2007; Райков и др., 2007; Райков и др., 2011). Нивото на замърсяване на морето и неговата способност за „самопречистване” са напълно различни. Налице е ясна индикация за промени в равновесието на природата в съответните екологични ниши (Prodanov et al., 1997). Най-голямо влияние в Световния океан има риболовът, който директно унищожава една значителна част от популациите на вида. В резултат на прекомерна експлоатация и климатични промени, голяма част от промишлено експлоатираните видове са критично застрашени или уязвими. Обиелето на рибните запаси зависи от различни абиотични и биотични фактори, от които с най-голямо значение са нивото на смъртност от риболов, промените в трофичните нива, поради масовото размножаване на *Mnemiopsis leidyi*, цъфтеж на водорасли, които водят до хипоксия в по-плитки води и до масова смъртност на дънни организми и т.н. Състоянието биомасата на запасите от трицона (агрегации) край българското черноморско крайбрежие показва относителна стабилност, т.е. като се има предвид почти постоянното ниво на експлоатация (в западната и северозападната част на Черно море) през последните години, запасът все още не е достатъчно експлоатиран. Оценките на числеността и разпределението на рибните запаси, базирани на експериментални тралирания се превърнаха в необходимост при управлението на риболова (Godø et al., 1990). Основно допускане

при тези изследвания е, че нивото на уловите е постоянно, без значение с каква продължителност е тралирането. Всяко отклонение от линейната зависимост между улова и величината на усилието, приложено при риболова, може да има значително влияние върху състава на улова и оценките на числеността, както и да внесе отклонение в резултатите от тралните изследвания (Wassenberg et al., 1998). Продължителността на риболовното усилие през периода на съответното тралиране може да продължи до 200 минути (Godø, 1990), но поради икономически причини, заедно с необходимостта от множество на брой повторения и поддържане на статистическа валидност, времетраенето на тралирането се намалява. Така, стандартната продължителност на тралиранията варира от 30 до 120 минути за всяка станция. Някои автори (Godø, 1990; Wassenberg et al., 1998; Somerton et al., 2002) допускат, че по-големите екземпляри могат да плуват в трала, без да навлизат в торбата и че тралиранията с различна продължителност могат да повлияят на нивата на улова и на размерните разпределения в трала. По този начин, някои размерни групи могат да не бъдат уловени при тралирания с малка продължителност. Средният улов на единица усилие или единица площ се приема се, че е пропорционален на запаса (Beverton and Holt, 1957). Тези индекси могат да бъдат превърнати в абсолютна мярка за биомаса чрез така наречения „метод на площта“, който също се нарича холистичен метод (www.fao.org). Всички анализи се основават на оценки на биомасата и плътността и географските страти. Отчетите са представени в ред, следващ брега, от северната към южната част на Черно море. Документът завършва с поредица от таблици и фигури, свързани с индексите на биомаса/обилие и съотношенето дължината-честотата на видовете, включени в референтния списък.

3. Raykov, V. St., Ivanova, P. Zlateva, I., Dimitrov, D., Markó, C., Hankó, G., Wégner K., Robinson, M., Hazuchová, K., Kiraľvargová, H., Obersteiner, G., Mária, H., László, B. A. 2021. S U R V E Y National Legislative System on Surface Water Quality based on the recommendations of the Project Partners representing, Tid(y)Up project, 115pp.

In order to better understand the water pollution problem, this Survey studies the relevant legal frameworks of the project partners as well as the international legislation of the Danube region. A comprehensive summary has been prepared by each partner, considering the objectives and results of the A.T3.1 activity: “Research on the legislative background: To understand the reasons of the water pollution problem, we must inspect the details of the relevant legislative system we target to improve at the beginning of the project. A thorough picture will be set up on each participating country’s legislative background...”. The study describes the relevant environmental legislation and the organisational structure of the environmental protection bodies, along with the legal sanctions for nature-damaging activities. The survey also focuses on the organisational structure and functioning of water management organisations, their communication channels and their cooperation with other environmental institutions and authorities. Waste and water management regulations also play a key role in the analysis, with partners looking at industrial and municipal waste collection systems and regulations, and at the problem of illegal dumping. The research has considered existing international legislation on water and the marine environment, including regional conventions and European directives (see chapter on International Legislation). The research will provide important data that will take a snapshot of the present moment, identify loopholes in legislation and promote best practice. The project partners' shared knowledge and approach will be considered at national and international (European and global) level. Based on the assessment carried out as a result of the survey, a Top 10 recommendations have been identified to improve the legal environment and good practices for tackling plastic pollution in the Danube region. The

specific regulatory and organisational solutions of the partners and the different practices in each country provide an interesting insight into the complexity of environmental aspects of littering on the waterways..

3. Райков, В. Ст., Иванова, П. Златева, И., Димитров, Д., Марко, Ч., Ханко, Г., Вегнер К., Робинсън, М., Хазухова, К., Киражваргова, Х. ., Оберщайнер, Г., Mária, Н., Лазло, В. А. 2021. ПРОУЧВАНЕ на Националната законодателна система за качеството на повърхностните води въз основа на препоръките на партньорите по проекта Tid(y)Up, 115pp.

За да се разбере по-добре проблема със замърсяването на водите са анализирани съответните правни рамки на страните, партньори по проекта, както и международното законодателство на Дунавския регион. Изчерпателно резюме е изготвено от всеки партньор, като се вземат предвид целите и резултатите от дейността А.ТЗ.1: „Изследване на законодателната основа: За да разберем причините за проблема със замърсяването на водата, трябва да проверим детайлите за съответната законодателна система, която целим да подобрим в началото на проекта. Представена е цялостната картина на законодателството на всяка участваща страна...“. Изследването описва съответното законодателство и организационната структура на органите за опазване на околната среда, както и правните санкции за дейности, увреждащи природата. Проучването се фокусира и върху организационната структура и функционирането на организациите, свързани с управление на водите, техните комуникационни канали и сътрудничеството им с други екологични институции и органи. Наредбите за управление на отпадъците и водите също играят ключова роля в анализа, като партньорите разглеждат системите и разпоредбите за събиране на промишлени и общински отпадъци, както и проблема с незаконното изхвърляне. Представено е и съществуващото международно законодателство относно водата и морската среда, включително регионални конвенции и европейски директиви. Изследването предоставя важни данни, които ще направят моментна снимка на настоящия момент, ще идентифицират пропуските в законодателството и ще насърчат най-добрите практики. Споделените знания и подход на партньорите по проекта ще бъдат разгледани на национално и международно (европейско и световно) ниво. Въз основа на оценката, извършена в резултат на проучването, бяха идентифицирани Топ 10 препоръки за подобряване на правната среда и добрите практики за справяне със замърсяването с пластмаси в Дунавския регион. Специфичните регулаторни и организационни решения на партньорите и различните практики във всяка страна предоставят информация за сложността на екологичните аспекти на изхвърлянето на отпадъци във водните пътища.

ПОКАЗАТЕЛ Г 8. ПУБЛИКУВАНА ГЛАВА ОТ КНИГА ИЛИ КОЛЕКТИВНА МОНОГРАФИЯ.

Raykov, V., Ivanova, P., Dencheva, K., Nicolaev, S., Duzgunes, E., Ozturk, B., Gucu, A.C., Yankova, M., 2019. Chapter 2: State and dynamics of the living and non-living resources and their exploitation in the Black Sea region. State of the Environment of the Black Sea (2009–2014/5), pp.481-684, ISBN:978-605-84837-0-5.

This Chapter is to assess conditions of the marine living resources for the period of 2009-2014 and compare with the earlier period to explain the changes occurred. It is to inform on anadromous fishes, and then about pelagic fishes. Lack of sufficient information concerning the fishing activity, catch quantities, composition and its impact on the current state of the fish stocks are the critical issues for in the Black Sea region though there are a number of techniques which have been and currently are in place for recording, evaluating, controlling and monitoring of the fishing activities as well as a number of surveys of the current state of the fishing stocks performed. The analysis of data collected shows that there only stock of sprat is considered sustainably exploited. Most of fish stocks in the Black Sea are overexploited to the extent that some of them are nearly to depletion. Therefore, there is the need to put more efforts in recovery and sustainable development of the fishing stocks to targeted levels of abundance identified. Common Fishery Policy of EU (CFP) aimed at protection measures to prevent the over exploitation of the fish stocks. Measures, being developed and implemented, could mitigate the impact of the fishing activities endangering reproductive capacity and jeopardy the fish stocks (EC, 2009).

Райков, В. Ст., Николаев, С., Иванова, П., Денчева, К., Дюзгунеш, Е., Озтурк, Б., Гучу, А.К., Янкова, М. 2019. Глава 2: Състояние и динамика на живите и неживи ресурси и тяхната експлоатация в Черноморския регион. Състоянието на околната среда на Черно море (2009–2014/5), 481-684, ISBN:978-605-84837-0-5.

Целта е да се оценят на морските живи ресурси за периода 2009-2014 г. и да се сравнят с предходния период, за да се обяснят настъпилите промени. Липсата на достатъчно информация относно риболовната дейност, количествата на улова, състава и неговото въздействие върху актуалното състояние на рибните запаси са критичните проблеми в Черноморския регион, въпреки че има редица техники за записване, оценка, контрол и мониторинг на риболовните дейности, както и извършване на редица изследвания на текущото състояние на риболовните запаси. Анализът на събраните данни показва, че само запаса на цаца се счита за устойчиво експлоатиран. Повечето от рибните запаси в Черно море са свръхексплоатирани до степента, в която някои от тях са достигнали до нива близки до изчерпване. Поради това е необходимо да се положат повече усилия за възстановяване, устойчиво развитие и достигане на целевите нива на числеността (или обилието) на съответния запас. Общата политика в областта на рибарството на ЕС (ОПОР), насочена към защитни мерки за предотвратяване на прекомерната експлоатация на рибните запаси. Мерките, които се разработват и прилагат, биха могли да смекчат въздействието на риболовните дейности, които застрашават репродуктивния капацитет и рибните запаси (ЕК, 2009 г.).

ПОКАЗАТЕЛ Е 20. ПУБЛИКУВАНО УНИВЕРСИТЕТСКО УЧЕБНО ПОСОБИЕ

Узунова, Е., Павлова, П., Дашинов, Д. 2021. Практическо ръководство за упражнения по ихтиология: микроинвазивни методи за теренни и лабораторни изследвания на риби. Университетско издателство „Св. Климент Охридски“, 111 стр. ISBN 978-954-07-5099-6.

В ръководството са включени 15 лабораторни и теренни упражнения, които позволяват овладяването на практически умения за прилагане на неинвазивни и микроинвазивни (ниско травматични) подходи за изучаване на рибите в насоките: определяне на видовата принадлежност, възраст, нарастване, численост, състоянието на популацията, качества на местообитанията, храненето и други. Повечето от представените в това ръководство методики не изискват използването на специализирана апаратура и познания, надхвърлящи предвидените за образователно ниво „бакалавър“, в областта на биологията, опазването на околната среда, аквакултурите и управлението на биологичните ресурси. Паралелно с детайлното представяне на всеки микроинвазивен/неинвазивен метод е включена и информация за методики и подходи, представляващи алтернатива в една или друга изследователска ситуация. Например, някои от класическите методи биха могли да бъдат приложени в случаите, когато разполагаме с ихтиологични колекции в музеите и други институции, съдържащи десетки хиляди екземпляри от различни видове риби, някои от които днес са изчезнали в дивата природа. Нашето разбиране е, че тази ценна информация трябва да бъде използвана максимално. В този смисъл, настоящото ръководство дава възможност всеки да направи своя информиран избор за подбор на методи на работа. Редица популярни неинвазивни методи не са включени в настоящото издание. Причина за това в едни случаи е необходимостта от специализирана апаратура, какъвто например се изисква в етологичните изследвания, а в други – дискуссионният характер на съответните методи към настоящия етап на развитие на науката. Вероятно в близко бъдеще наборът от микроинвазивни методи, прилагани в ихтиологията, ще нарасне и те ще могат да покрият всички аспекти на изучаване на рибите.

Uzunova, E., Pavlova, P., Dashinov, D. A. 2021. Practical guide for exercises in ichthyology: microinvasive methods for field and laboratory fish studies. 111 pp. St. Kliment Ohridski University Press, Sofia ISBN 978-954-07-5099-6.

The manual includes 15 laboratory and field exercises that enable the mastery of practical skills to apply non-invasive and micro-invasive (low-traumatic) approaches to the study of fish in the following aspects: determination of species, age, growth, abundance, population status, qualities of habitats, feeding and others. Most of the methods presented in this guide do not require the use of equipment and knowledge beyond that provided for the educational level "Bachelor", in the field of biology, environmental protection, aquaculture and management of biological resources. In parallel with the detailed presentation of each microinvasive/noninvasive method, information on methodologies and approaches representing an alternative in one or another research situation is also included. For example, some of the classical methods could be applied in cases where we have ichthyological collections in museums and other institutions containing tens of thousands of specimens of different fish species, some

of which are now extinct in the wild. It is our understanding that this valuable information should be used to the maximum. In this sense, this guide enables everyone to make an informed choice for the selection of work methods. Some may rightly point out that a number of popular non-invasive methods are not included in this edition. The reason for this in some cases is the need for specialized equipment, such as is required in ethological research, and in others - the discussion nature of the relevant methods at the current stage of development of science. It is likely that in the near future the range of microinvasive methods applied in ichthyology will grow and they will be able to cover all aspects of studying fishes.

27.03.2023г.

гр. Варна

Подпис:

/доц. д-р Петя Иванова/