

# РЕЗЮМЕТА

на научните трудове на **доц. д-р Божин Максимов Божинов** от **катедра “Физиология на растенията, биохимия и генетика”** при **Аграрния университет – Пловдив**

които не повтарят представените за придобиване на ОНС „Доктор“, и използваните за верификация на АД „Доцент“

1. Lacape, J. M., Nguyen, T. B., Thibivilliers, S., Bojinov, B., Courtois, B., Cantrell, R. G., Burr, B., & Hau, B. (2003). A combined RFLP-SSR-AFLP map of tetraploid cotton based on a *Gossypium hirsutum* x *Gossypium barbadense* backcross population. *Genome*, 46(4), 612-626.

Резюме: Междувидова популация от обратна кръстоска на *Gossypium hirsutum* x *Gossypium barbadense* от 75 растения BC1 беше изследвана за 1014 маркера. Картата се състои от 888 локуса, включително 465 AFLP, 229 SSR, 192 RFLP и 2 морфологични маркера, подредени в 37 групи на свързване, които представляват повечето, ако не и всичките 26 хромозоми, обхващащи общо 4400 сМ. Локусите не бяха равномерно разпределени в групите на свързване и 18 от 26-те дълги групи имаха компактен регион. Тази статия предлага частично ревизиран списък на 13-те двойки хомеоложни A/D хромозоми на  $2n = 4x = 52$  тетраплоиден геном на памука. Основните ревизии, които включват c3–c17, c4–c22, c5–D08 и c10–c20 хомеоложни двойки, се основават на картографирането на 68 SSR и RFLP локуса с известно разположение на хромозомите, както и на сравнителни подравнявания с публикувани по-рано карти на *G. hirsutum* x *G. barbadense*. Цялостната конгруентност в реда на локусите и разстоянията на общите SSR и RFLP локуси в тези карти позволява оценка на консенсусната дължина, която достига минимум 5500 сМ, и е окуражаваща за бъдещи усилия, насочени към разработване на интегрирана карта на култивирания памук. Настоящата карта също така предоставя стабилна рамка за прецизно картографиране на Менделовите компоненти на количествените характеристики в памука.

2. Schroeder, P., Herzig, R., Bojinov, B., Ruttens, A., Nehnevajova, E., Stamatiadis, S., Memon, A., Vassilev, A., Caviezel, M., & Vangronsveld, J. (2008). Bioenergy to save the world - Producing novel energy plants for growth on abandoned land. *Environmental Science and Pollution Research*, 15(3), 196-204.

**Резюме** Предистория и цел. След срещата на върха за климата през 2006 г. Европейският съюз официално си постави за цел да ограничи глобалното затопляне до 2 градуса по Целзий. Но дори и днес изменението на климата вече засяга хората и екосистемите. Примери за това са топящите се ледници и полярни ледове, доклади за размразяване на райони с вечна замръзналост, умиращи коралови рифове, покачване на морското равнище, променящи се екосистеми и фатални горещини. През последните 150 години нивата на CO<sub>2</sub> се повишиха от 280 ppm до над 400 ppm в момента. Ако продължим с настоящия си курс, еквивалентните нива на CO<sub>2</sub> може да достигнат 600 ppm до 2035 г. Въпреки това, ако нивата на CO<sub>2</sub> не се стабилизират на ниво 450-550 ppm, последствията могат да бъдат доста сериозни. Следователно, ако не действаме сега, възможността за стабилизиране дори при 550 ppm вероятно ще се изплъзне. Дългосрочното стабилизиране ще изисква емисиите на CO<sub>2</sub> в крайна сметка да бъдат намалени до повече от 80% под настоящите нива. Това ще изисква големи промени в начина ни на работа.

Резултати. Намаляването на парниковите газове от изгарянето на изкопаеми горива изглежда е най-обещаващият подход за противодействие на драматичните промени в климата, с които ще се сблъскаме в близко бъдеще. След протокола от Киото е ясно, че наличието на изкопаеми въглеродни ресурси няма да отговаря на бъдещите ни изисквания. Освен това разпространението на изкопаеми въглеродни източници по света ги прави още по-малко надежден източник в бъдеще. Ние предлагаме да се изследват културни и диви видове за високо производство на биомаса и добро оцеляване на маргинални почви, както и да се произведат мутанти от същия вид чрез химическа мутагенеза или свързани методи. Тези растения, когато се отглеждат в подходящ сеитбооборот, ще осигурят на местните земеделски общности биомаса за ферментация в децентрализирани реактори за биогаз, а полученият богат на азот оборски тор може да бъде разпределен в полетата за подобряване на почвата.

Дискусия. Такъв подход ще отвори нови икономически перспективи за дребните земеделски производители и ще осигури интелигентен начин за самодостатъчно и устойчиво развитие на селските райони. Заедно с настоящата икономическа реалност, в която цените на енергията и суровините се увеличиха драстично през последното десетилетие, те налагат разработването и установяването на алтернативни концепции.

Изводи. Налични са биотехнологии за прилагане на бързо размножаване на обещаващи енергийни видове растения. Важно е нашата ценна обработваема земя да бъде запазена за земеделие. Възможността за преминаване от селско стопанство с ниски доходи към производство на биогаз може да убеди дребните фермери да се придържат към бизнеса си и по този начин да запазят идентичността на селските общности. Перспективи. Като

цяло биогазът е обещаваща алтернатива за бъдещето, тъй като неговата ресурсна база е широко достъпна и отделни ферми или малки местни кооперативи могат да започнат работа на инсталации за биогаз

- Ivanova, B., Yancheva, S., & Vojinov, B. (2012). Molecular differentiation of Paulownia species and hybrids. *Journal of Central European Agriculture*, 13(1), 73 - 84.  
<https://doi.org/DOI:/10.5513/JCEA01/13.1.1016> Q3 - SJR - 0,23

**Резюме:** Paulownia е единственият род от семейство Paulowniaceae и включва няколко вида с подобни характеристики. През последните години интересът за промишлено използване на рода в България нараства във връзка с възможностите за използването му като източник на биоенергия и суровина за дърводобивната промишленост. Познаването на рода обаче е много ограничено и създава трудности дори когато видовете и хибридите, които се предлагат на пазара в страната, трябва да бъдат диференцирани. Следователно една система за адекватна идентификация на различни генотипове е не само от научен, но и от практически интерес. Поради липсата на адекватно описани методи за молекулярна диференциация на видовете Paulownia sp. настоящото изследване има за цел да оцени ефективността на използването на ISSR маркери в рамките на този род и да направи опит за диференциране на генотиповете в рамките на групата от видове и хибриди, налични in vitro в Лабораторията по растителна биотехнология на Аграрен университет – Пловдив.

- Vojinov, B. M., & Danailov, Z. P. (2009). Applicability of ISSRs for Genotype Identification in a Tomato Breeding Collection. *Acta Horticulturae*, 830(1), 63-70.  
<https://doi.org/https://doi.org/10.17660/ActaHortic.2009.830.6>

**Резюме:** Техниката ISSR (Inter-Simple Sequence Repeats) е приложена към набор от диви видове, съвременни сортове и F1 хибриди домати. Идентификацията на генотипа е от голямо значение за производството на семена и размножаването на сортовете и хибридите, където системата UPOV все още разчита на фенотипни маркери. Наследствената нестабилност на тези маркери често води до спорове между производители на семена, търговци и фермери. Проблемът се задълбочава от въвеждането на молекулярни маркери в растениевъдството, което се наблюдава през последните години. Подпомаганата от маркер селекция (MAS) се превръща в инструмент, който носи големи предимства за компаниите за семена и те с готовност го приемат в своите селекционни програми. Съвременните генетични технологии позволяват идентифициране на генотипове въз основа на уникалните последователности в техния

геном. Това отваря възможност за ефективно развитие на система за сортова идентификация. Целта на настоящата работа е да представи резултатите от тестването на ISSR като кандидат техника за идентифициране на генотипове домати с помощта на силно полиморфни молекулни маркери. За всеки представител от групата на дивите видове е получен специфичен профил, докато разликите между културните форми са значително по-малки. Обсъждат се перспективите за приемане на ISSR от селекционери и производители, както и техния потенциал и недостатъци, ако бъдат предложени за включване в стандартното PXC тестване.

5. Todorovska, E., Ivanova, A., Ganeva, D., Pevicharova, G., Molle, E., Bojinov, B., Radkova, M., & Danailov, Z. (2014). Assessment of genetic variation in Bulgarian tomato (*Solanum lycopersicum* L.) genotypes, using fluorescent SSR genotyping platform. *Biotechnology & Biotechnological Equipment*, 28(1), 68-76.

<https://doi.org/10.1080/13102818.2014.901683>

РЕЗЮМЕ: Генетичната променливост в съвременните култури е ограничена поради процесите на одомашаване и селекция. Генетичната вариация в осем български сорта домати и селекционни линии (сорт Пловдивска каротина, сорт ИЗК Аля, L21b, L53b, L1140, L1116, L975, L984), различаващи се по своя морфологичен и биохимичен състав, беше оценена с помощта на високоефективна и евтина флуоресцентна платформа за генотипиране с прости повторени последователности (SSR). Генотипирането беше проведено със 165 публично достъпни микросателитни маркера, разработени от различни изследователски групи в рамките на редица проекти за домати (SOL Genomics SSRs, Kazusa TGS и TES, SLM, TMS и LEMDDNa), сред които само пет (3,03%) не успяха да амплифицират очакваните PCR фрагменти. От останалите маркери 81 (50.62%) са полиморфни в цялата колекция от осем генотипа. Сред използваните групи маркери SLM маркерите са най-полиморфни, следвани от TMS и SOL Genomics SSR маркери. Общият брой на амплифицираните алели е 299, със средно 1,869; и средното съдържание на полиморфна информация (PIC) е 0,196. Генетичното разнообразие в колекцията е сравнително ниско (0,2222). Генетичното разстояние по Nei варира от 0,0953 до 0,3992. Клъстерният анализ, използващ метода на непретегленото групиране на двойките с метода на средната аритметична стойност (UPGMA), показва, че изследваните генотипове домати са групирани в четири основни клъстера, което до известна степен съответства на морфо- и хемотиповете на изследваните домати. Сорт ИЗК Аля (тип Чери) и две от селекционните линии (L1140, L1116) образуват три отделни и по-отдалечени клъстера. Четвъртият клъстер включва останалите пет генотипа. Наблюдаваното групиране на тези генотипове в две

подгрупи отразява техния сходен морфологичен и биохимичен състав. Информацията за генетичното разстояние от това проучване може да бъде полезна за по-нататъшно прилагане на стратегии за селекция и кръстосвания между тези инбредни линии.

6. Riccroch, A., Harwood, W., Svobodová, Z., Sági, L., Hundleby, P., Badea, E. M., Rosca, I., Cruz, G., Salema Fevereiro, M. P., Marfà Riera, V., Jansson, S., Morandini, P., **Bojinov, B.**, Cetiner, S., Custers, R., Schrader, U., Jacobsen, H.-J., Martin-Laffon, J., Boisron, A., & Kuntz, M. (2016). Challenges facing European agriculture and possible biotechnological solutions. *Critical Reviews in Biotechnology*, 36(5), 875-883

**Резюме** Селското стопанство е изправено пред много предизвикателства за максимизиране на добивите, докато се изисква да работи по екологично устойчив начин. В настоящото изследване ние анализираме основните селскостопански предизвикателства, идентифицирани от европейските фермери (основно свързани с биотичния стрес) в 13 страни, а именно Белгия, България, Чехия, Франция, Германия, Унгария, Италия, Португалия, Румъния, Испания, Швеция, Обединеното кралство и Турция, за девет основни култури (ечемик, цвекло, лоза, царевица, маслодайна рапица, маслини, картофи, слънчоглед и пшеница). Повечето биотични стресове (BSs) са свързани с гъби или насекоми, но вирусните заболявания, бактериалните заболявания и дори паразитните растения имат важно въздействие върху добива и качеството на продукцията. Ние разглеждаме как тези предизвикателства са били адресирани от публичните и частните изследователски сектори, използвайки конвенционална селекция, подпомогната от маркер селекция, трансгенеза, цисгенеза, RNAi технология или мутагенеза. Както националните проучвания, така и анализът на научната литература, последван от анализ на текстове, достъпни в интернет, бяха използвани за оценка на подходите на генното инженерство (GE) и не-GE. Това е първият доклад от анализ на текстове, достъпни в интернет от научна литература за изследване на селекцията и селскостопанските биотехнологии. За деветте основни култури в Европа са идентифицирани 128 предизвикателства пред BS, като 40% от тях не са разгледани нито в научната литература, нито в скорошни европейски обществени изследователски програми. Открихме доказателства, че частният сектор се справя само с няколко от тези „пренебрегвани“ предизвикателства. Следователно съществуват значителни пропуски между нуждите на фермерите и настоящите изследвания в областта на селекцията и биотехнологиите. Ние също така предоставяме доказателства, че текущата политическа ситуация в някои европейски страни е пречка за генетично модифицираните изследвания с цел справяне с тези селскостопански предизвикателства в бъдеще. Това проучване трябва също така да

допринесе за процеса на вземане на решения за бъдещи подходящи международни консорциуми за запълване на идентифицираните пропуски в изследванията

7. Angelov, M., Ivanova, B., Pavlov, A., Ganeva, D., Danailov, Z., & Bojinov, B. (2017). Development of ISSR markers for a Bulgarian tomato breeding collection aiming to improve antioxidant compounds in fruits. *Bulgarian Journal of Agricultural Science*, 23 (3), 405–410

Резюме: Техниката на маркери от типа Inter-Simple Sequence Repeat е приложена към набор от генотипове домати, за които е установено, че се различават в антиоксидантните съединения в плодовете. Тъй като селекцията, подпомагана от маркери, се превръща в инструмент, който носи големи предимства за селекционните програми, нараства нуждата от използването му за бързо реагиране на потребителското търсене. Тъй като е част от система за ефективна селекция на растения при много култури, целта на настоящото проучване беше да се тества Inter-Simple Sequence Repeats като кандидат инструмент за включване в програма за селекция, целяща подобряване на антиоксидантните свойства на плодовете на домати. Прилагането на ISSR маркери доведе до получаване на адекватно представяне на всеки образец от избраната група. Това отваря възможността за използване на системата за потвърждаване на хибридна природа на F1 потомствата и допълнително ускоряване на отглеждането на генотипове за използване като здравословна храна.

8. Kostova, M., & Bojinov, B. (2018). Application of ISSR markers for detection of genetic variation in two Bulgarian autochthonous goat breeds . *Bulgarian Journal of Agricultural Science*, 24(6), 1109-1113.

РЕЗЮМЕ: Опазването на генетичните ресурси в животновъдството е обект на нарастващ интерес през последните години. Въвеждането на високоинтензивни селектирани породи води до намаляване на размера на местните, което води до стесняване на тяхното генетично разнообразие. Следователно оценката на оставащата генетична вариация става от ключово значение за приоритизиране на усилията за опазване и разработване на бъдещи селекционни програми. В това отношение две местни породи кози с отличителен екстериор, стабилно предаван в потомството, бяха избрани за настоящото изследване и тяхната вътрешнопородна генетична вариация беше оценена с ISSR маркери. Нашите

резултати показват, че ISSR маркерите са в състояние да разкрият значително генетично разнообразие в автохтонните български породи кози. Освен това бяха получени уникални генетични профили за всяко от изследваните животни, като по този начин се осигури използваем инструмент за тестване за бащинство в бъдещи селекционни програми.

9. Bojinov, B. (2019). Quantitative trait loci detection in Bulgarian cotton mutant segregating population. *Genetika*, 51(1), 323 -334.

РЕЗЮМЕ: Идентифицирането на локуси на количествени признаци (QTL), свързани с качеството на влакното, е от първостепенно значение за селекцията на памука. Тъй като българските сортове памук принадлежат към специфична група (*proles Bulgaricum*), те са още по-трудни за интродуциране в тях на такива качествени характеристики. Поради това е създадена сегрегираща мутантна популация от стандартния български сорт „Чирпан 603“ чрез прилагане на гама облъчване на семена. Поколенията M4 и M5 бяха използвани за идентифициране на локуси на количествени признаци (QTLs), свързани с характеристиките на качеството на влакното. SSR маркери, разработени при междувидови кръстосвания и допълнително потвърдени при вътрешновидови кръстосвания, заедно с вътрешно разработени ISSR маркери бяха използвани за асоциативно картографиране на QTL за качество на влакното. Здравината на влакното, дължината, еднородността, микронерът и еластичността са основните изследвани характеристики. QTL с големи ефекти върху тези признаци, идентифицирани в M4 и M5, бяха потвърдени в M6 поколение. Допълнително те бяха идентифицирани и използвани за насищане на картата и потвърждение на групите на свързване.

10. Sirakov, I., Strateva, T., Popova, R., Bojinov, B., & Mitov, I. (2019). Ecological Sources of Wild-type Shiga-toxin and Intimin-producing *Escherichia coli* Isolates in Bulgaria: Antimicrobial Susceptibility and Multilocus Sequence Typing. *Journal of Environmental Protection and Ecology*, 20(2), 823–831.

Резюме. Преживните животни, които се хранят свободно в българските национални и природни резервати през последните години, служат като основен резервоар на шига-токсин и intimin-произвеждащи щамове *Escherichia coli*, които представляват риск за членовете на тези екосистеми, включително хората. Способността на *E. coli* да поддържа

жизнеспособност в околната среда в продължение на месеци ѝ осигурява възможности за циркулация в целия биотоп и различните членове на съответната биоценоза. Процесът често се улеснява от оттичащата се вода в резултат на проливни дъждове. Възможността за хоризонтален трансфер между различни щамове на гени, кодиращи фактори на патогенност, увеличава риска от тяхното разпространение в околната среда. Епидемиологичното типизиране на патогенните щамове *E. coli*, оказващи влияние върху биобезопасността, здравето на хората и животните, е от първостепенно значение за контролиране на тяхното разпространение. Настоящата работа има за цел да изследва български шига-токсин и интимин-позитивни *E. coli* изолати от различни източници, включително тяхната антимикробна чувствителност и вида на интимин токсина, както и да извърши анализ на мултилокусно секвенционно типизиране. Резултатите показват, че изолатите имат див тип чувствителност към тестваните антибиотици, интимин (тип бета 1, тета и омикрон) и принадлежат към различни типове последователности и клонални комплекси. Получената информация ще допълни профилите на циркулиращите патогенни щамове на *E. coli*, което ще улесни оценката на риска и приемането на адекватни мерки за ограничаване на замърсяването на биоценозите със заразени с патогенни щамове фекалии от селскостопански животни

11. Trayanov, K., Samaliev, H., Kostova, M., Bojinov, B., & Besheva, A. (2020). Morphological and molecular identification of potato cyst nematode *Globodera rostochiensis* and *Globodera pallida* in Bulgaria. *Bulgarian Journal of Agricultural Science*, 26(2), 416-422.

РЕЗЮМЕ: Картофените цистообразуващи нематоди (PCNs), *Globodera rostochiensis* и *Globodera pallida* са икономически важни паразити по картофите и са признати за карантинни вредители. В България *G. rostochiensis* е идентифициран за първи път през 1978 г., докато *G. pallida* през 1992 г. Идентифицирането на популациите на PCNs досега се основава само на морфологични признаци и *G. rostochiensis* е преобладаващ вид в картофените полета. Настоящата работа имаше за цел да въведе по-бърз и по-надежден метод за идентифициране и диференциране на видовете PCN в три картофопроизводителни района в България. За морфологичната идентификация на двата вида PCN бяха изследвани 30 цисти и 30 млади екземпляри във втори стадий (J2S). За точна и бърза идентификация на *G. rostochiensis* и *G. pallida* е приложен метод, базиран на полимеразна верижна реакция (PCR). Мултиплексна PCR реакция беше извършена с праймери, предназначени за малка област между вътрешно транскрибиран спейсер 1 и 5.8 S рибозомна РНК генни области, за да се идентифицират видовете *Globodera*. Средните

морфометрични стойности на 30-те експериментални цисти и J2S са общи в рамките на очаквания диапазон за *G. pallida* и *G. rostochiensis* с някои наблюдавани вариации. Настоящите резултати демонстрират наличието и на двата вида PCNs, като *G. pallida* е идентифициран в 24 от почвените проби и *G. rostochiensis* в 6 от тях. Правилното и бързо идентифициране на вида PCN в българските картофени ниви е от съществено значение за приемането на по-ефективни мерки за контрола на тези неприятели.

12. Bojinov, B., Vasileva, S., Ganeva, D., Georgiev, V., & Pavlov, A. (2024). An integrative approach to developing new tomato varieties with elevated fruit antioxidant content. *Bulgarian Journal of Agricultural Science*, 30(2), 363-374.

**РЕЗЮМЕ:** Каротените са идентифицирани като най-важните каротеноиди в човешкото тяло, заедно с ликопен, лутеин и  $\beta$ -криптоксантин, поради техните полезни антиоксидантни действия. Поради тези свойства ние планирахме и проведохме през 2018–2021 г. експеримент, при който различни видове домати бяха метаболитно профилирани за тяхното съдържание на антиоксиданти и други параметри на плодовете за по-нататъшно използване в селекционни програми. Същите генотипове бяха фенотипирани и профилирани с ДНК маркери, за да се характеризира тяхната относителна генетична дистанция. Обобщените данни от метаболитно и генетично профилиране бяха допълнени от фенотипните данни, за да се избере най-перспективната кръстоска (Pl. karotina  $\times$  L1116), която беше извършена и развита в F1 и F2 поколения. След фенотипиране и генетично профилиране на 104 F2 индивида, получени от това кръстосване, 24 индивида бяха избрани за метаболитно профилиране за съдържание на антиоксиданти. По отношение на каротеноидите, натрупани в напълно узрели плодове, най-високата концентрация на ликопен, открита в нашето изследване, беше 587,03  $\mu\text{g/g DW}$ , докато  $\beta$ -каротинът достигна 440,29  $\mu\text{g/g DW}$ . Нашите резултати подкрепят използването на такъв интегративен подход за ускоряване на развъждането на домати, когато се цели подобро метаболитно съдържание на плодовете.