РЕЗЮМЕТА НА НАУЧНИТЕ ТРУДОВЕ
НА ДОЦ. ДН ЛЮБЕН ИВАНОВ ЗАГОРЧЕВ

за участие в конкурс за заемане на академичната длъжност „професор" по 4.3. Биологически науки (Биохимия)

обявен в ДВ бр. 29/24.03.2026 г.

Хабилитационен труд – научни публикации:

D.1. Zagorcheva T., Teofanova D., Odjakova M., Li J., Zagorchev L. (2026) Pharmacological properties of parasitic plants: current evidence and the role of parasitic lifestyle. Plants (IF = 4.1; SJR = 0.89; Q1)

Abstract

Parasitic plants represent a unique group of angiosperms that extract nutrients from host plants through specialized structures called haustoria. With over 4750 recognized species, these plants vary in their dependence on hosts, classified as holoparasites (completely non-photosynthetic) or hemiparasites (partially photosynthetic). Despite their parasitic lifestyle, these plants contribute significantly to ecological stability by regulating plant communities. Some parasitic species, such as *Striga* and *Orobanche*, are major agricultural pests, while others, including *Cistanche* and *Cynomorium*, are valued for their medicinal properties. Parasitic plants in general are rich in secondary metabolites with potential pharmacological significance. These compounds, including alkaloids, phenolics, and terpenoids, display antimicrobial, anticancer, and immunomodulatory effects. Mistletoe (*Viscum album* L.) produces lectins and viscotoxins, which exhibit cytotoxic and immune-stimulating properties. Traditional medicine has long utilized parasitic plants, and modern pharmacological research continues to uncover their potential in drug development. However, an intriguing question arises: whether they are superior in any way to their non-parasitic counterparts, or just received more attention due to their unique appearance. Understanding the unique chemistry of parasitic plants provides insights into their ecological role and offers opportunities for advancements in medicine and agriculture.

Резюме

Паразитните растения представляват уникална група покритосеменни растения, които извличат хранителни вещества от растенията-гостоприемници чрез специализирани структури, наречени хаустории. С над 4750 признати вида, тези растения се различават по степента на зависимост от гостоприемниците и се класифицират като холопаразити (напълно нефотосинтетични) или хемипаразити (частично фотосинтетични). Въпреки паразитния си начин на живот, тези растения допринасят значително за екологичната стабилност чрез регулиране на растителните съобщества. Някои паразитни видове, като *Striga* и *Orobanche*, са основни селскостопански вредители, докато други, включително *Cistanche* и *Cynomorium*, се ценят заради лечебните си свойства. Паразитните растения като цяло са богати на вторични метаболити с потенциално фармакологично значение. Тези съединения, включително алкалоиди, феноли и терпеноиди, проявяват антимикробни, противоракови и имуномодулиращи ефекти. Белият имел (*Viscum album* L.) произвежда лектини и вискотоксини, които проявяват цитотоксични и имуностимулиращи свойства. Традиционната медицина отдавна използва паразитни растения, а съвременните фармакологични изследвания продължават да разкриват потенциала им в разработването на лекарства. Възниква обаче един интригуващ въпрос: дали те са по-добри по някакъв начин от своите непаразитни събратя, или просто получават повече внимание поради уникалния си външен вид. Разбирането на уникалната химия на паразитните растения дава

представа за тяхната екологична роля и предлага възможности за напредък в медицината и селското стопанство.

D.2. Lozanova, V.; Teofanova, D.; Chakarova, B.; Rusanov, K.; Pachedjieva, K.; Tosheva, A.; Zagorcheva, T.; Zagorchev, L. (2025) The Antioxidant Properties of Extracts of *Cuscuta* spp. Depend on the Parasite and the Host Species. Antioxidants, 14, 761. https://doi.org/10.3390/antiox14070761 (IF = 6.6; SJR = 1.484; Q1)

Abstract

Dodders (*Cuscuta* spp.) are prominent parasitic plants widely known and exploited in traditional medicine. They are rich in polyphenolics, which determine their strong antioxidant potential. However, comparatively few of the nearly 200 known species have been characterized for their medicinal potential. In the present study, we aimed to explore the antioxidant potential of four of the most widely distributed *Cuscuta* species in Bulgaria—*C. campestris*, *C. monogyna*, *C. epithymum*, and *C. europaea*. They differed significantly in polyphenolic content and accordingly differed in their antioxidant properties, although this correlation is not always straightforward, as shown in *C. europaeae*. Furthermore, we evaluated the host plant species' influence on the polyphenolic content, antioxidant properties, and flavonoid profile of *C. campestris*, finding a significant enhancement when the parasite was grown on aromatic plants—rosemary and thyme—compared to a model host—*Arabidopsis thaliana*. Seven major flavonoids and phenolic acids—chlorogenic acid, kaempferol-3,7-O-diglucoside, quercetin-3-O-galactoside, kaempferol-3-O-galactoside, quercetin-3-O-glucoside, astragalin, and isorhamnetin-7-glucoside—were annotated after HPLC-MS analysis and found to be affected by the host species. In conclusion, it was found that extracts from different *Cuscuta* species differ in their antioxidant potential, which the host plants might further modify.

Резюме

Паразитите от род *Cuscuta* (*Cuscuta* spp.) са широко разпространени растения, добре познати и използвани в традиционната медицина. Те са богати на полифеноли, които определят силния им антиоксидантен потенциал. Въпреки това, сравнително малка част от близо 200-те известни вида са изследвани по отношение на лечебния си потенциал. В настоящото проучване целта ни беше да изследваме антиоксидантния потенциал на четири от най-широко разпространените видове *Cuscuta* в България – *C. campestris, C. monogyna, C. epithymum* и *C. europaea*. Те се различават значително по съдържанието на полифеноли и съответно по своите антиоксидантни свойства, въпреки че тази корелация не винаги е пряка, както се вижда при *C. europaea*. Освен това оценихме влиянието на видовете растения-гостоприемници върху съдържанието на полифеноли, антиоксидантните свойства и флавоноидния профил на *C. campestris*, като установихме значително подобрение, когато паразитът е отглеждан върху ароматни растения – розмарин и мащерка – в сравнение с моделния гостоприемник – *Arabidopsis thaliana*. Седем основни флавоноида и фенолни киселини – хлорогенова киселина, кампферол-3,7-O-диглюкозид, кверцетин-3-O-галактозид, кампферол-3-O-галактозид, кверцетин-3-O-глюкозид, астрагалин и изорамнетин-7-глюкозид – бяха идентифицирани след HPLC-MS анализ и се установи, че са повлияни от вида на гостоприемника. В заключение беше установено, че екстрактите от различни видове *Cuscuta* се различават по своя антиоксидантен потенциал, който растенията-гостоприемници могат да модифицират допълнително.

D.3. Chakarova B, Zagorchev L, Pachedjieva K, Tosheva A, Zagorcheva T, Rusanov K, Teofanova D. (2025) Analysis of Variations in the Flavonoid Profiles of *Cuscuta campestris* and *Cuscuta epithymum* in Bulgaria as a Potential Chemotaxonomical Marker. Plants, 14(8):1220; https://doi.org/10.3390/plants14081220; (IF = 4.1; SJR = 0.89; Q1)

Abstract

Holoparasitic plants of the genus *Cuscuta* are generally considered prominent agricultural pests. In addition to their negative economic effect on agriculture and their impact on natural plant societies, they have also been long known in East Asian as medicinal plants with beneficial properties. This underlines the fact that *Cuscuta* spp. are particularly rich in specialized metabolites, flavonoids, alkaloids, and cumarines, among others. In addition to several well-characterized species, most of the species variety within the genus remains largely unstudied. In the present study we aimed to compare the flavonoid profiles of natural populations of two of the most abundant *Cuscuta* species in Bulgaria—the native C. epithymum, and the naturalized *C. campestris*. Based on HPLC-MS/MS analysis, a total of 13 polyphenolics compounds were annotated, with hyperoside and isoquercitrin being some of the most abundant. Some notable differences were found, like the complete absence of dicaffeoylquinic acid in *C. campestris*, and kaempferol-3,7-O-diglucoside and kaempferol 3-O-β-(6′-O-trans-p-coumaroyl)-glucopyranoside in *C. epithymum*. The population of the two species clustered separately from each other, with some variations, but with no clear pattern of dependence on the locality or host species. Based on the results it can be concluded that flavonoids may be used as chemotaxonomical markers within the genus, showing that even in different climatic conditions and different host ranges, the two studied species clearly differed from each other. Also, their rich content emphasizes the potential of these parasites as a source of bioactive compounds.

Резюме

Холопаразитни растения от род *Cuscuta* обикновено се считат за сериозни селскостопански вредители. Освен негативното си икономическо въздействие върху селското стопанство и влиянието им върху естествените растителни съобщества, те отдавна са известни в Източна Азия като лечебни растения с полезни свойства. Това подчертава факта, че *Cuscuta* spp. са особено богати на специализирани метаболити, флавоноиди, алкалоиди и кумарини, наред с други. В допълнение към няколко добре охарактеризирани вида, по-голямата част от видовото разнообразие в рамките на рода остава до голяма степен непроучено. В настоящото проучване целта ни беше да сравним флавоноидните профили на естествени популации на два от най-разпространените вида *Cuscuta* в България – местния *C. epithymum* и натурализирания *C. campestris*. Въз основа на HPLC-MS/MS анализ бяха идентифицирани общо 13 полифенолни съединения, като хиперозидът и изокверцитринът са сред най-разпространените. Бяха открити някои забележителни разлики, като пълната липса на дикафеоилхинова киселина в *C. campestris*, както и на кампферол-3,7-О-диглюкозид и кампферол 3-О-β-(6′-О-транс-р-кумароил)-глюкопиранозид в *C. epithymum*. Популациите на двата вида се групираха отделно една от друга, с някои вариации, но без ясна зависимост от местоположението или вида-гостоприемник. Въз основа на резултатите може да се направи изводът, че флавоноидите могат да се използват като хемотаксономични маркери в рамките на рода, като се показва, че дори при различни климатични условия и различен спектър от гостоприемници двата изследвани вида се различават ясно един от друг. Освен това тяхното богато съдържание подчертава потенциала на тези паразити като източник на биоактивни съединения.

D.4. Duan W., Shao W., Lin W., Yuan L., Lu Q., Chen L., Zagorchev L., Li J. (2021) Integrated metabolomics and transcriptomics reveal the differences in fruit quality of the red and white *Fragaria pentaphylla* morphs. Food Bioscience. 60: p.100896 DOI: https://doi.org/10.1016/j.fbio.2021.100896 (IF = 5.318; SJR = 0.89; Q1)

Abstract

Fragaria pentaphylla is a perennial herb with two morphs that produce either white or red fruit. A combined metabolomic and transcriptomic analysis of the red and white fruits was conducted to reveal the different accumulated metabolites and differentially expressed genes between the red and white fruits. Red fruits of *F. pentaphylla* had higher quality with abundant flavonoids, free amino acids, and vitamins, compared with white fruits. Four anthocyanins, one procyanidin and 15 flavonoids in red morphs were significantly higher than in white morphs. The low level of pelargonin O-hexosyl-O-hexoside, pelargonidin O-hexoside and petunidin O-rutinoside might contribute to the white color of the *F. pentaphylla* flesh. Eighteen amino acids, except glycine or glutamine, were found in both the red and white morphs. Red fruits had a higher content of amino acids than white fruits. No DEG was involved in the pathway for amino acids synthesis, indicating that the higher levels of amino acids in red fruits than in white were not due to an increased amino acid biosynthesis. Integrated metabolomic and transcriptomic data suggested that COR, CHI, DFR, PKS and COMT genes might be related to the synthesis of flavonoids. Besides, 7OMT and PKS genes were shown to be closely associated with alkaloid and polyphenol synthesis. These results provide new insights into the molecular mechanisms of the color and nutrients in strawberries.

Резюме

Fragaria pentaphylla е многогодишно тревисто растение с два морфа, които дават съответно бели или червени плодове. Беше проведен комбиниран метаболомно-транскриптомен анализ на червените и белите плодове, за да се установят различните натрупани метаболити и гените с различна експресия между червените и белите плодове. Червените плодове на *F. pentaphylla* се отличаваха с по-високо качество, като съдържаха изобилие от флавоноиди, свободни аминокиселини и витамини в сравнение с белите плодове. Четири антоцианина, един процианидин и 15 флавоноида в червените морфи бяха значително по-високи, отколкото в белите морфи. Ниското ниво на пеларгонин О-хексозил-О-хексозид, пеларгонидин О-хексозид и петунидин О-рутинозид може да допринесе за белия цвят на месестата част на *F. pentaphylla*. Осемнадесет аминокиселини, с изключение на глицин или глутамин, бяха открити както в червените, така и в белите морфи. Червените плодове имаха по-високо съдържание на аминокиселини в сравнение с белите плодове. Нямаше DEG, участващи в метаболитния път за синтеза на аминокиселини, което показва, че по-високите нива на аминокиселини в червените плодове в сравнение с белите не се дължат на повишена биосинтеза на аминокиселини. Интегрираните метаболомни и транскриптомни данни сочат, че гените COR, CHI, DFR, PKS и COMT може да са свързани със синтезата на флавоноиди. Освен това, гените 7OMT и PKS се оказаха тясно свързани със синтезата на алкалоиди и полифеноли. Тези резултати предоставят нови познания за молекулярните механизми на цвета и хранителните вещества в ягодите.

Публикации в реферирани издания с IF или SJR:

D.5. Zagorchev L., Marinova M., Albanova I., Zagorcheva T., Li J., Teofanova D. (accepted) Isoenzymatic profiles during early stages of haustoriogenesis within the genus *Cuscuta* are taxonomically dependent. Comptes rendus de l'Academie Bulgare des Sciences. (IF = 0.3; SJR = 0.18; Q3)

Abstract

Haustorium formation is the key developmental event enabling parasitism in the genus *Cuscuta*, yet comparative data on the enzymatic mechanisms underlying haustoriogenesis across taxonomically distinct species remain scarce. In this study, we investigated whether isoenzymatic profiles associated with early haustorium formation are taxonomically dependent within *Cuscuta*. Nine species representing three major subgenera—*Grammica*, *Cuscuta*, and *Monogynella*—were analyzed. Haustoria were induced using artificial hosts, and soluble protein extracts from the haustorial region were subjected to zymographic analysis of peroxidases, proteases, and cellulases. Peroxidases exhibited the highest diversity, with 16 distinct isoforms detected and clear interspecific and intersubgeneric differences. Protease activity was represented by a limited number of isoforms with species-specific electrophoretic mobility, whereas cellulase activity was detected only in two species. Cluster analysis based on combined peroxidase and protease isoenzyme profiles produced a dendrogram that largely reflected established taxonomic relationships, clearly separating the three subgenera. These findings demonstrate that isoenzymatic patterns during haustoriogenesis are not random but are evolutionarily linked to major lineages within *Cuscuta*. The results support the hypothesis that taxonomically related dodder species employ similar enzymatic strategies during host invasion, providing functional biochemical support for existing phylogenetic frameworks.

Резюме

Образуването на хаустории е ключовият етап в развитието, който позволява паразитизъм при род *Cuscuta*, но сравнителните данни за ензимните механизми, лежащи в основата на хаусториогенезата при таксономично различни видове, остават оскъдни. В настоящото проучване изследвахме дали изоензимните профили, свързани с ранното образуване на хаустории, зависят от таксономичната принадлежност в рамките на род *Cuscuta*. Бяха анализирани девет вида, представляващи три основни подрода – *Grammica*, *Cuscuta* и *Monogynella*. Хаусториите бяха индуцирани с помощта на изкуствени гостоприемници, а разтворимите протеинови екстракти от хаусториалната област бяха подложени на зимографски анализ на пероксидази, протеази и целулази. Пероксидазите показаха най-голямо разнообразие, като бяха открити 16 различни изоформи и ясни междувидови и междуподродови разлики. Протеазната активност беше представена от ограничен брой изоформи с видовоспецифична електрофоретична подвижност, докато целулазната активност беше открита само при два вида. Клъстерният анализ, базиран на комбинирани профили на изоензими на пероксидази и протеази, доведе до създаването на дендрограма, която до голяма степен отразява установените таксономични взаимоотношения, като ясно разделя трите подрода. Тези резултати показват, че изоензимните модели по време на хаусториогенезата не са случайни, а са еволюционно свързани с основните линии в рамките на *Cuscuta*. Резултатите подкрепят хипотезата, че таксономично свързаните видове *Cuscuta* използват сходни ензимни стратегии по време на инвазията на гостоприемника, като предоставят функционално биохимично потвърждение за съществуващите филогенетични данни.

D.6. Zagorchev L., Teofanova D., Radkova M., Iantcheva A., Revalska M. (2025) Abiotic stress response of Medicago truncatula plants, modified with gain and loss-of-function of GRAS7 transcription factor. Comptes rendus de l'Academie Bulgare des Sciences. 78 (12) 1802-1809. https://doi.org/10.7546/CRABS.2025.12.07 (IF = 0.3; SJR = 0.18; Q3)

Abstract

Abiotic stresses, among which salinity, are substantial limiting factors for crop yield in contemporary agriculture. Abiotic stress response in plants is governed by a plethora of hormonal signalling, which in turn causes a finetuning of gene expression, regulated by stress-responsive transcription factors. The GRAS family of transcription factors mediates the gibberellin signalling and plays a major role in growth and development. In the present study, the role of MtGRAS7 transcription factor in abiotic stress response was explored in the model legume *Medicago truncatula*. Three major biochemical markers, L-proline, malondialdehyde, and hydrogen peroxide, were measured under salinity, drought, and cold temperature stress in MtGRAS7 overexpressing and loss-of-function lines. Under drought and salinity, while not directly related to osmoprotection and antioxidant response, the overexpression of GRAS7 showed a positive effect on the plant stress response, possibly through improved nodulation. The same transcription factor may have a more direct role in response to cold stress, as suggested by our results and literature data.

Резюме

Абиотичният стрес, сред който и засоляването, представлява съществен ограничаващ фактор за добива на културите в съвременното земеделие. Отговора на растенията към абиотичния стрес се управлява от множество хормонални сигнали, които от своя страна предизвикват фино регулиране на генната експресия, контролирано от транскрипционни фактори, реагиращи на стрес. Семейството транскрипционни фактори GRAS медиира сигнализацията на гиберелините и играе основна роля в растежа и развитието. В настоящото проучване беше изследвана ролята на транскрипционния фактор MtGRAS7 в отговора на абиотичен стрес при моделното бобово растение *Medicago truncatula*. Бяха измерени три основни биохимични маркера – L-пролин, малондиалдехид и водороден пероксид – при стрес от засоляване, засушаване и ниски температури в линии с свръхекспресия и загуба на функция на MtGRAS7. При засушаване и засоляване, макар и да не е пряко свързана с осмозащитата и антиоксидантната реакция, свръхекспресията на GRAS7 показа положителен ефект върху отговора на растенията към стрес, вероятно чрез подобрено образуване на коренови възли. Същият транскрипционен фактор може да има по-пряка роля в отговора към стрес от ниски температури, както подсказват нашите резултати и данните от литературата.

D.7. Zagorchev L., Zagorcheva T., Teofanova D., Odjakova M. (2025) Methods of control of parasitic weeds of the genus *Cuscuta* - current status and future perspectives. Plants. 14, 2321. https://doi.org/10.3390/plants14152321 (IF = 4.1; SJR = 0.89; Q1)

Abstract

Dodders (*Cuscuta* spp.; Convolvulaceae) are parasitic weeds that pose major challenges to agriculture due to their ability to infect a wide range of host plants, extract nutrients, and transmit pathogens. Their control is especially challenging because of the seed longevity, resistance to herbicides, and the capacity for vegetative regeneration. Mechanical methods such as hand-pulling or mowing are labour-intensive and often ineffective for large infestations. Chemical control is limited, as systemic herbicides often affect the host species equally, or even worse than the parasite. Current research is exploring biological control methods, including allelopathic compounds, host-specific fungal pathogens, and epiparasitic insects, though these methods remain largely experimental. An integrated approach that combines

prevention, targeted mechanical removal, and biological methods offers the most promising path for long-term management. Continued research is essential to develop effective, sustainable control strategies while exploring possible beneficial uses of these complex parasitic plants. The present review aims to thoroughly summarise the existing literature, emphasising the most recent advances and discussing future perspectives.

Резюме

Паразитни растения от род *Cuscuta* (*Cuscuta* spp.; Convolvulaceae) представляват сериозно предизвикателство за селското стопанство поради способността си да заразяват широк спектър от растения-гостоприемници, да извличат хранителни вещества и да пренасят патогени. Борбата с тях е особено трудна поради дългия срок на покой на семената, устойчивостта към хербициди и способността за вегетативно възстановяване. Механичните методи, като ръчно изкореняване или косене, са трудоемки и често неефективни при големи зарази. Химичният контрол е ограничен, тъй като системните хербициди често засягат гостоприемните видове в същата степен, а понякога и по-силно от паразита. Текущите изследвания проучват биологични методи за контрол, включително алелопатични съединения, специфични за гостоприемника гъбични патогени и епипаразитни насекоми, въпреки че тези методи все още са предимно експериментални. Интегриран подход, съчетаващ превенция, целенасочено механично отстраняване и биологични методи, предлага най-обещаващия път за дългосрочен контрол. Непрекъснатите изследвания са от съществено значение за разработването на ефективни и устойчиви стратегии за контрол, като същевременно се проучват възможните полезни приложения на тези сложни паразитни растения. Настоящият обзор има за цел да обобщи изчерпателно съществуващата литература, като акцентира върху най-новите постижения и обсъжда бъдещите перспективи.

D.8. Teofanova D., Pachedjieva K., Tosheva A., Marinova B., Savov S., Savov M., Zagorcheva T., Zagorchev L. (2025) Application of RAPD markers for *Cuscuta* species identification and biodiversity. PhytoKeys, 265, 1-12. DOI: 10.3897/phytokeys.265.152696 (IF = 1.5; SJR = 0.519; Q2)

Abstract

Cuscuta species (dodders) are parasitic plants that harm both native and cultivated flora, presenting significant ecological and economic challenges. This study employs random amplified polymorphic DNA (RAPD) markers to evaluate genetic variation among 70 specimens collected from various localities across Bulgaria. The findings reveal notable differences in RAPD profiles between species, indicating that RAPD markers are effective for species identification, particularly when reproductive organs are absent. While *C. campestris* exhibited a relatively uniform genetic profile across different populations, native species showed greater genetic heterogeneity, likely due to their development in diverse habitats. Geographical patterns were also observed in the genetic clustering of *C. campestris*, although seed dispersal mechanisms appeared to play a larger role in shaping genetic diversity than geographic distribution alone. This research highlights the potential of RAPD markers for improving species identification and for understanding the genetic dynamics of *Cuscuta* populations, which is crucial for managing their spread and minimizing their agricultural impact.

Резюме

Видовете *Cuscuta* (кускута) са паразитни растения, които нанасят вреда както на естествената, така и на култивираната флора, като представляват сериозни екологични и икономически предизвикателства. В настоящото проучване се използват маркери на случайно амплифицирана полиморфна ДНК (RAPD) за оценка на генетичното разнообразие сред 70 екземпляра, събрани

от различни местности в България. Резултатите разкриват забележими разлики в RAPD профилите между видовете, което показва, че RAPD маркерите са ефективни за идентифициране на видовете, особено когато липсват репродуктивни органи. Докато *C. campestris* проявява относително еднороден генетичен профил в различните популации, местните видове показват по-голяма генетична хетерогенност, вероятно поради развитието им в разнообразни местообитания. Географски модели бяха наблюдавани и в генетичното групиране на *C. campestris*, въпреки че механизмите за разпространение на семената изглежда играят по-голяма роля във формирането на генетичното разнообразие, отколкото само географското разпределение. Това изследване подчертава потенциала на RAPD маркерите за подобряване на идентифицирането на видовете и за разбиране на генетичната динамика на популациите на *Cuscuta*, което е от решаващо значение за управлението на тяхното разпространение и минимизиране на тяхното въздействие върху селското стопанство.

D.9. Albanova I, Zagorchev L, Odjakova M, Marinov M, Teofanova D. (2025) A novel application of phage display technology for antibody selection, using alternating rounds of positive and negative selection. Comptes rendus de l'Academie Bulgare des Sciences. 78 (6) 846-853. https://doi.org/10.7546/CRABS.2025.06.07 (IF = 0.3; SJR = 0.18; Q3)

Abstract

Antibodies are a powerful tool in various studies concerning the expression and localization of proteins in response to various factors of the environment. Phage display technology offers a useful alternative to classical immunization approaches, as it does not require immunogenicity of the antigen, as well as the handling of live animals. However, the requirement for the antigen to be presented and isolated in a relatively pure form, and large quantity remains a major obstacle. In the present study, we offered a novel approach toward exploiting phage display antibody libraries for the fast selection of specific antibodies by alternating rounds of positive and negative selection. The overall aim was to select antibodies against antigens, presented in the treatment sample, while not presented in the control. Although the acquired results did not conclusively show a successful selection of antibodies against a great variety of antigens, they proved the potential of this novel approach.

Резюме

Антителата са мощен инструмент в различни изследвания, свързани с експресията и локализацията на протеини в отговор на различни фактори на околната среда. Технологията „фагов дисплей" предлага полезна алтернатива на класическите подходи за имунизация, тъй като не изисква имуногенност на антигена, нито работа с живи животни. Въпреки това изискването антигенът да бъде представен и изолиран в относително чиста форма и в голямо количество остава основна пречка. В настоящото проучване предложихме нов подход за използване на библиотеки от антитела с фагов дисплей за бърз подбор на специфични антитела чрез редуване на цикли на положителна и отрицателна селекция. Общата цел беше да се подберат антитела срещу антигени, представени в третираното растения, но не и в контролната проба. Въпреки че получените резултати не показаха окончателно успешен подбор на антитела срещу голямо разнообразие от антигени, те доказаха потенциала на този нов подход.

D.10. Savov, S., Marinova, B., Teofanova, D., Savov, M., Odjakova, M., & Zagorchev, L. (2024). Parasitic Plants—Potential Vectors of Phytopathogens. Pathogens, 13(6), 484; https://doi.org/10.3390/pathogens13060484; (IF = 3.3; SJR = 0.843; Q1)

Abstract

Parasitic plants represent a peculiar group of semi- or fully heterotrophic plants, possessing the ability to extract water, minerals, and organic compounds from other plants. All parasitic plants, either root or stem, hemi- or holoparasitic, establish a vascular connection with their host plants through a highly specialized organ called haustoria. Apart from being the organ responsible for nutrient extraction, the haustorial connection is also a highway for various macromolecules, including DNA, proteins, and, apparently, phytopathogens. At least some parasitic plants are considered significant agricultural pests, contributing to enormous yield losses worldwide. Their negative effect is mainly direct, by the exhaustion of host plant fitness and decreasing growth and seed/fruit formation. However, they may pose an additional threat to agriculture by promoting the trans-species dispersion of various pathogens. The current review aims to summarize the available information and to raise awareness of this less-explored problem. We further explore the suitability of certain phytopathogens to serve as specific and efficient methods of control of parasitic plants, as well as methods for control of the phytopathogens.

Резюме

Паразитните растения представляват особена група полу- или напълно хетеротрофни растения, притежаващи способността да извличат вода, минерали и органични съединения от други растения. Всички паразитни растения, независимо дали са коренови или стъблени, хеми- или холопаразитни, установяват васкуларна връзка с растенията-гостоприемници чрез силно специализиран орган, наречен хаустория. Освен че е органът, отговорен за извличането на хранителни вещества, хаусториалната връзка е и магистрала за различни макромолекули, включително ДНК, протеини и, по всичко личи, фитопатогени. Поне някои паразитни растения се считат за значителни селскостопански вредители, допринасящи за огромни загуби на добив по целия свят. Тяхното отрицателно въздействие е предимно пряко, чрез изчерпване на жизнеспособността на растението-гостоприемник и намаляване на растежа и образуването на семена/плодове. Въпреки това те могат да представляват допълнителна заплаха за селското стопанство, като способстват за разпространението на различни патогени между видовете. Настоящият обзор има за цел да обобщи наличната информация и да повиши осведомеността относно този по-малко проучен проблем. Ние допълнително разглеждаме пригодността на определени фитопатогени да служат като специфични и ефективни методи за контрол на паразитни растения, както и методи за контрол на самите фитопатогени.

D.11. Marinova B., Pachedjieva K., Tosheva A., Teofanova D., Zagorchev L. (2024) Potential role of DNA methylation and histone H3 acetylation in parasitism of *Cuscuta*. IOP Conf. Series: Earth and Environmental Science 1305, 012016. doi:10.1088/1755-1315/1305/1/012016 (SJR = 0.214)

Abstract

Cuscuta campestris, or field dodder, is a non-photosynthetic, parasitic weed and a prominent agricultural pest. İt is widely distributed in various climatic conditions and parasitizes over 100 different host plants in Bulgaria. The objective of the present study was to test the hypothesis that epigenetic regulation is key to the adaptation of *Cuscuta* spp. to different environments and host plants, as well as the response of host plants to parasitism. First, we tested 12 populations of *C. campestris*. Still, we found no correlation between the percentage of methylated DNA or acetylated histones and the most common host plant species, although significant differences were found. However, the effect of *Cuscuta* parasitism was much more pronounced on the enzymes, responsible for both DNA methylation and

histone acetylation in the host plants. While changes were not so notable in the susceptible model host, *Arabidopsis thaliana*, the resistant host *Solanum lycopersicum* responded to parasitism with increased DNA methyltransferase and histone deacetylase activities and decreased DNA demethylation. All this suggests adaptation to parasitism, which is partially guided by epigenetic regulation. Further studies, including mapping of the methylated regions, are needed to better understand the epigenetic mechanisms of host adaptation to *Cuscuta* parasitism.

Резюме

Cuscuta campestris, или полска кускута, е нефотосинтетичен, паразитен плевел и значителен селскостопански вредител. Тя е широко разпространена в различни климатични условия и паразитира върху над 100 различни растения-гостоприемници в България. Целта на настоящото проучване беше да се провери хипотезата, че епигенетичната регулация е ключ към адаптацията на *Cuscuta* spp. към различни среди и растения-гостоприемници, както и към реакцията на растенията-гостоприемници към паразитизма. Първо, тествахме 12 популации на *C. campestris*. Въпреки това не открихме корелация между процента на метилирана ДНК или ацетилирани хистони и най-разпространените видове растения-гостоприемници, макар че бяха установени значителни разлики. Въпреки това ефектът от паразитизма на *Cuscuta* беше много по-изразен върху ензимите, отговорни както за метилирането на ДНК, така и за ацетилирането на хистоните в растенията-гостоприемници. Докато промените не бяха толкова забележими при податливия модел на гостоприемник, *Arabidopsis thaliana*, резистентният гостоприемник *Solanum lycopersicum* реагира на паразитизма с повишена активност на ДНК-метилтрансферазата и хистон-деацетилазата и намалено деметилиране на ДНК. Всичко това предполага адаптация към паразитизъм, която частично се направлява от епигенетична регулация. Необходими са по-нататъшни проучвания, включително картиране на метилираните региони, за да се разберат по-добре епигенетичните механизми на адаптацията на гостоприемника към паразитизма на *Cuscuta*.

D.12. Pan H., Zagorchev L., Chen L., Tao Y., Cai C., Jiang M., Sun Z., Li J. (2023) Complete Chloroplast genomes of five *Cuscuta* species and their evolutionary significance in the *Cuscuta* genus. BMC Genomics. 24:310; https://doi.org/10.1186/s12864-023-09427-w (IF = 4.4; SJR = 1.047; Q1)

Abstract

Background *Cuscuta*, a parasitic plant species in the Convolvulaceae family, grows in many countries and regions. However, the relationship between some species is still unclear. Therefore, more studies are needed to assess the variation of the chloroplast (cp) genome in *Cuscuta* species and their relationship with subgenera or sections, thus, providing important information on the evolution of *Cuscuta* species.

Results In the present study, we identified the whole cp genomes of *C. epithymum*, *C. europaea*, *C. gronovii*, *C. chinensis* and *C. japonica*, and then constructed a phylogenetic tree of 23 *Cuscuta* species based on the complete genome sequences and protein-coding genes. The complete cp genome sequences of *C. epithymum* and *C. europaea* were 96,292 and 97,661 bp long, respectively, and lacked an inverted repeat region. Most cp genomes of *Cuscuta* spp. have tetragonal and circular structures except for *C. epithymum*, *C. europaea, C. pedicellata* and *C. approximata*. Based on the number of genes and the structure of cp genome and the patterns of gene reduction, we found that *C. epithymum* and *C. europaea* belonged to subgenus *Cuscuta*. Most of the cp genomes of the 23 *Cuscuta* species had single nucleotide repeats of A and T. The inverted repeat region boundaries among species were similar in the same subgenera. Several cp genes were lost. In addition, the numbers and types of the lost genes in the same subgenus were similar. Most of the lost genes were related to photosynthesis (*ndh*, *rpo*, *psa*, *psb*, *pet*, and *rbcL*), which could have gradually caused the plants to lose the ability to photosynthesize.

Conclusion Our results enrich the data on cp. genomes of genus *Cuscuta*. This study provides new insights into understanding the phylogenetic relationships and variations in the cp genome of *Cuscuta* species.

Резюме

Обща информация *Cuscuta*, паразитен растителен род от семейство Convolvulaceae, вирее в много страни и региони. Въпреки това, родствените връзки между някои видове все още не са ясни. Поради това са необходими допълнителни проучвания за оценка на вариациите в хлоропластния (cp) геном при видовете *Cuscuta* и тяхната връзка с подродовете или секциите, което би предоставило важна информация за еволюцията на видовете *Cuscuta*.

Резултати В настоящото проучване идентифицирахме целите cp геноми на *C. epithymum, C. europaea, C. gronovii, C. chinensis* и *C. japonica*, след което конструирахме филогенетично дърво на 23 вида *Cuscuta* въз основа на пълните геномни последователности и гените, кодиращи протеини. Пълните последователности на хлоропластните геноми на *C. epithymum* и *C. europaea* бяха съответно с дължина 96 292 и 97 661 bp и нямаха област с инвертирани повтори. Повечето хлоропластни геноми на *Cuscuta* spp. имат тетрагонална и циркулярна структура, с изключение на *C. epithymum, C. europaea, C. pedicellata* и *C. approximata*. Въз основа на броя на гените, структурата на хлоропластния геном и моделите на генна редукция, установихме, че *C. epithymum* и *C. europaea* принадлежат към подрод *Cuscuta*. Повечето от хлоропластните геноми на 23-те вида *Cuscuta* имаха еднонуклеотидни повтори на A и T. Границите на инвертираната повторна област между видовете бяха сходни в рамките на един и същ подрод. Няколко гена на хлоропластния геном бяха загубени. Освен това броят и видовете на загубените гени в един и същ подрод бяха сходни. Повечето от загубените гени бяха свързани с фотосинтезата (ndh, rpo, psa, psb, pet и rbcL), което вероятно е довело до постепенната загуба на способността на растенията да извършват фотосинтеза.

Заключение Нашите резултати обогатяват данните за хлоропластните геноми на род *Cuscuta*. Настоящото проучване предоставя нови познания за разбирането на филогенетичните връзки и вариациите в хлоропластния геном на видовете от род *Cuscuta*.

D.13. Albanova I., Zagorchev L., Teofanova D., Odjakova M., Kutueva L., Ashapkin V. (2023) Host resistance to parasitic plants - current knowledge and future perspectives. Plants. 12(7), 1447; https://doi.org/10.3390/plants12071447 (IF = 4.5; SJR = 0.795; Q1)

Abstract

Parasitic flowering plants represent a diverse group of angiosperms, ranging from exotic species with limited distribution to prominent weeds, causing significant yield losses in agricultural crops. The major damage caused by them is related to the extraction of water and nutrients from the host, thus decreasing vegetative growth, flowering, and seed production. Members of the root parasites of the Orobanchaceae family and stem parasites of the genus *Cuscuta* are among the most aggressive and damaging weeds, affecting both monocotyledonous and dicotyledonous crops worldwide. Their control and eradication are hampered by the extreme seed longevity and persistence in soil, as well as their taxonomic position, which makes it difficult to apply selective herbicides not damaging to the hosts. The selection of resistant cultivars is among the most promising approaches to deal with this matter, although still not widely employed due to limited knowledge of the molecular mechanisms of host resistance and inheritance. The current review aims to summarize the available information on host resistance with a focus on agriculturally important parasitic plants and to outline the future perspectives of resistant crop cultivar selection to battle the global threat of parasitic plants.

Резюме

Паразитните цъфтящи растения представляват разнообразна група покритосеменни растения, вариращa от екзотични видове с ограничено разпространение до широко разпространени плевели, причиняващи значителни загуби на добив при селскостопанските култури. Основните щети, причинявани от тях, са свързани с извличането на вода и хранителни вещества от гостоприемника, което води до забавяне на вегетативния растеж, цъфтежа и производството на семена. Представителите на кореновите паразити от семейство Orobanchaceae и стъбленитe паразити от род *Cuscuta* са сред най-агресивните и вредни плевели, засягащи както едносемеделни, така и двусемеделни култури по целия свят. Тяхното контролиране и изкореняване се затруднява от изключителната устойчивост на семената и устойчивостта им в почвата, както и от таксономичната им позиция, което затруднява прилагането на селективни хербициди, които не увреждат гостоприемниците. Подборът на резистентни сортове е сред най-обещаващите подходи за справяне с този проблем, въпреки че все още не се използва широко поради ограничените познания за молекулярните механизми на резистентността на гостоприемника и наследствеността. Настоящият обзор има за цел да обобщи наличната информация за резистентността на гостоприемника с акцент върху важните за селското стопанство паразитни растения и да очертае бъдещите перспективи за подбор на резистентни сортове култури за борба с глобалната заплаха от паразитни растения.

D.14. Ashapkin V., Kutueva L., Aleksandrushkina N., Vanyushin B., Teofanova D., Zagorchev L. (2023) Genomic and epigenomic mechanisms of the interaction between parasitic and host plants. International Journal of Molecular Sciences. 24(3), 2647 (IF = 5.6; SJR = 1.179; Q1) https://doi.org/10.3390/ijms24032647

Abstract

Parasitic plants extract nutrients from the other plants to finish their life cycle and reproduce. The control of parasitic weeds is notoriously difficult due to their tight physical association and their close biological relationship to their hosts. Parasitic plants differ in their susceptible host ranges, and the host species differ in their susceptibility to parasitic plants. Current data show that adaptations of parasitic plants to various hosts are largely genetically determined. However, multiple cases of rapid adaptation in genetically homogenous parasitic weed populations to new hosts strongly suggest the involvement of epigenetic mechanisms. Recent progress in genome-wide analyses of gene expression and epigenetic features revealed many new molecular details of the parasitic plants' interactions with their host plants. The experimental data obtained in the last several years show that multiple common features have independently evolved in different lines of the parasitic plants. In this review we discuss the most interesting new details in the interaction between parasitic and host plants.

Резюме

Паразитните растения извличат хранителни вещества от други растения, за да завършат своя жизнен цикъл и да се размножават. Контролът на паразитни плевели е изключително труден поради тяхната тясна физическа връзка и близката им биологична връзка с техните гостоприемници. Паразитните растения се различават по обхвата на гостоприемниците, към които са податливи, а видовете гостоприемници се различават по своята податливост към паразитни растения. Настоящите данни показват, че адаптациите на паразитните растения към различни гостоприемници са до голяма степен генетично определени. Въпреки това, множеството случаи на бърза адаптация в генетично хомогенни популации на паразитни плевели към нови гостоприемници силно подсказват участието на епигенетични механизми. Последните постижения в геномните анализи на генната експресия и епигенетичните

характеристики разкриха много нови молекулярни подробности за взаимодействията на паразитни растения с техните растения-гостоприемници. Експерименталните данни, получени през последните няколко години, показват, че множество общи характеристики са еволюирали независимо в различни линии на паразитни растения. В този обзор обсъждаме най-интересните нови подробности във взаимодействието между паразитни растения и растения-гостоприемници.

D.15. Dimov S., Zagorchev L., Iliev M., Dekova T., Ilieva R., Kitanova M., Georgieva-Miteva D., Dimitrov M., Peykov S. (2021) A snapshot picture of the fungal composition of the bee bread in four locations in Bulgaria, differing in anthropogenic influence. Journal of Fungi 7, 845. https://doi.org/10.3390/jof7100845 (IF = 5.724; SJR = 0.98; Q1)

Abstract

Information about the fungal composition of bee bread, and the fermentation processes to which the fungi contribute significantly, is rather scarce or fragmentary. In this study, we performed an NGS-based metagenomics snapshot picture study of the fungal composition of bee bread in four locations in Bulgaria during the most active honeybee foraging period at the end of June 2020. The sampling locations were chosen to differ significantly in climatic conditions, landscape, and anthropogenic pressure, and the Illumina 2 x 250 paired-end reads platform was used for amplicon metagenomics study of the ITS2 region. We found that some of the already reported canonical beneficial core fungal species were present within the studied samples. However, some fungal genera such as *Monilinia, Sclerotinia, Golovinomyces, Toxicocladosporium, Pseudopithomyces, Podosphaera* and *Septoriella* were reported for the first time among the dominant genera for a honeybee related product. Anthropogenic pressure negatively influences the fungal composition of the bee bread in two different ways—urban/industrial pressure affects the presence of pathogenic species, while agricultural pressure is reflected in a decrease of the ratio of the beneficial fungi.

Резюме

Информацията за гъбичния състав на пчелната перга и за ферментационните процеси, към които гъбите допринасят значително, е доста оскъдна или фрагментарна. В настоящото проучване ние извършихме метагеномно проучване на базата на NGS за моментна картина на гъбичния състав на пчелната перга в четири локации в България по време на най-активния период на събиране на нектар от пчелите в края на юни 2020 г. Местата за вземане на проби бяха избрани така, че да се различават значително по климатични условия, ландшафт и антропогенен натиск, а за ампликонното метагеномно проучване на ITS2 региона беше използвана платформата Illumina 2 x 250 прочита. Установихме, че някои от вече описаните канонични основни полезни гъбични видове са налице в изследваните проби. Въпреки това, някои гъбични родове като *Monilinia, Sclerotinia, Golovinomyces, Toxicocladosporium, Pseudopithomyces, Podosphaera* и *Septoriella* бяха описани за първи път сред доминиращите родове за продукт, свързан с пчелите. Антропогенният натиск оказва отрицателно влияние върху гъбния състав на пчелната перга по два различни начина – градският/индустриалният натиск засяга наличието на патогенни видове, докато селскостопанският натиск се отразява в намаляване на съотношението на полезните гъби.

D.16. Dimov S., Gyurova A., Zagorchev L., Dimitrov Ts., Georgieva D., Peykov S. (2021) NGS-Based Metagenomic Study of Four Traditional Bulgarian Green Cheeses from Tcherni Vit. LWT – Food Science and Technology 152. 112278 https://doi.org/10.1016/j.lwt.2021.112278 (IF = 6.056; SJR = 1.06; Q1)

Abstract

This is the first scientific study of the unique Bulgarian Cherni Vit green cheese based on 16S and ITS2 NGS metagenomics, accomplished on the Illumina HiSeq 2 × 250 bp paired end reads in order to obtain an overview of the microbial composition. The results revealed a rich microbiota, composed of on average of 120 eubacterial and 16 fungal species. Firmicutes were represented by the families Strepotococcaceae, Lactobacillaceae and Staphylococcaceae, while the Actinobacteria were represented mainly by the genera *Brevibacterium* and *Corynebacterium*. Low counts of Proteobacteria were also detected, mainly halophiles of the genera *Cobetia* and *Psychrobacter*. Almost all (99.99%) of the detected fungi belonged to Ascomycota, represented almost equally by the families Eurotiomycetes (exclusively by *Penicillium roqueforti*), Saccharomycetes (mainly by the genera *Debaryomyces, Pichia, Candida* and *Kluyveromyces*) and Sordariomycetes (mostly by *Scopulariopsis flava*). The performed diversity analyses revealed that despite some differences, which can be attributed to environmental factors, and the time of the ripening, all of the four batches displayed very rich but similar microbiota. We found a potentially beneficial microbiota with the potential to inhibit the growth of pathogenic bacterial species, as well as to neutralize possibly produced mycotoxins, as described in numerous research on raw milk dairy products.

Резюме

Това е първото научно проучване на уникалното българско зелено сирене „Черни Вит“, основано на метагеномика с 16S и ITS2 NGS, проведено с помощта на двойни прочити с дължина 2 × 250 bp на Illumina HiSeq, с цел да се получи обща представа за микробния състав. Резултатите разкриха богата микробиота, състояща се средно от 120 вида еубактерии и 16 вида гъби. Firmicutes бяха представени от семействата Streptococcaceae, Lactobacillaceae и Staphylococcaceae, докато Actinobacteria бяха представени главно от родовете *Brevibacterium* и *Corynebacterium*. Бяха открити и малки количества Proteobacteria, главно халофили от родовете *Cobetia* и *Psychrobacter*. Почти всички (99,99%) от откритите гъби принадлежаха към Ascomycota, представени почти поравно от семействата Eurotiomycetes (изключително от *Penicillium roqueforti*), Saccharomycetes (предимно от родовете *Debaryomyces, Pichia, Candida* и *Kluyveromyces*) и Sordariomycetes (предимно от *Scopulariopsis flava*). Извършените анализи на разнообразието показаха, че въпреки някои разлики, които могат да бъдат приписани на фактори на околната среда и на времето на зреене, и четирите партиди показаха много богата, но сходна микробиота. Намерихме потенциално полезна микробиота с потенциал да инхибира растежа на патогенни бактериални видове, както и да неутрализира евентуално произведени микотоксини, както е описано в многобройни изследвания върху млечни продукти от сурово мляко.

D.17. Georgieva K., Teofanova D., Zagorchev L., Abumhadi N., Odjakova, M. (2020) Comparative study on salt stress response of common wheat (*Triticum aestivum*: Poaceae) and related ancient cereal crops. Comptes rendus de l'Academie Bulgare des Sciences. 73 (1): 133-139. DOI:10.7546/CRABS.2020.01.17 (IF = 0.378; SJR = 0.218; Q2)

Abstract

Salinity has a significant impact on agriculture worldwide due to the huge yield losses from crop plants. Together with the increase in human population, this leads to the necessity of assessment of their salt tolerance and identification of varieties, suitable for cultivation in salinized arable lands. Three potential alternatives to wheat: spelt (*Triticum spelta* L.), einkorn (*T. monococcum* L.) and kamut (*T. turanicum* Jakubz.) were compared to *T. aestivum* L. in their salt stress response. Various biochemical markers were compared at 0.1 M and 0.3 M NaCl treatment after 14 days. All of them were differentially affected with relative adaptation to the lower salt stress and severe inhibition of metabolic functions at the higher salt. The response suggested that spelt was the most affected, while wheat the least.

Резюме

Засоляването оказва значително влияние върху селското стопанство в световен мащаб поради огромните загуби на добив от културните растения. В съчетание с нарастването на населението това води до необходимостта от оценка на тяхната солеустойчивост и определяне на сортове, подходящи за отглеждане на засолени обработваеми земи. Три потенциални алтернативи на пшеницата: спелта (*Triticum spelta* L.), еинкорн (*T. monococcum* L.) и камут (*T. turanicum* Jakubz.) бяха сравнени с *T. aestivum* L. по отношение на реакцията им към солевия стрес. Различни биохимични маркери бяха сравнени при третиране с 0,1 M и 0,3 M NaCl след 14 дни. Всички те бяха засегнати по различен начин, като се наблюдаваше относителна адаптация към по-ниския солен стрес и силно инхибиране на метаболитните функции при по-високата концентрация на сол. Реакцията показа, че спелтата е най-засегната, докато пшеницата – най-малко.