СОГЛАСОВАНА

Письмом федерального
государственного
бюджетного учреждения
«Российская академия наук»
от 27.09. 2016 г. № 2-10008-2215/709

УТВЕРЖДАЮ

Руководитель
Федерального агентства
научных организаций
М.М. Котюков

«24» 10 2016 г.

Программа развития
Федерального государственного бюджетного научного учреждения
«Федеральный исследовательский центр Институт цитологии и генетики
Сибирского отделения Российской академии наук»
на 2016-2020 годы

ПАСПОРТ
Программы развития Федерального государственного бюджетного научного учреждения «Федеральный исследовательский центр Институт цитологии и генетики Сибирского отделения Российской академии наук»

1.	Наименование федерального государственного учреждения	Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Федеральный исследовательский центр Институт цитологии и генетики Сибирского отделения Российской академии наук» (ИЦиГ СО РАН)
2.	Почтовый адрес федерального государственного учреждения	630090, Новосибирск, просп. Академика Лаврентьева, 10
3.	ИНН федерального государственного учреждения	5408100138
4.	Коды ОКВЭД федерального государственного учреждения	73.10
5.	Цели Программы развития	Получение новых фундаментальных знаний в области общей и молекулярной генетики, разработка новых генетических, клеточных и биоинформационных технологий для решения актуальных задач биомедицины, сельского хозяйства и биотехнологической промышленности Российской Федерации.
6.	Задачи Программы развития	Актуализация исследовательской программы, повышение эффективности использования инфраструктуры, научно-образовательной деятельности и кадрового потенциала, международного сотрудничества.
7.	Целевые показатели Программы развития	Отношение средней заработной платы научных сотрудников к средней заработной плате в Новосибирской области (далее – НСО) – 200% к 2018 году с сохранением показателя в 2019 году и в 2020 годах. Удельный вес исследователей в возрасте до 39 лет в общей численности исследователей учреждения к 2020 году – 42,1%. Число статей в базе данных «Сеть науки» (Web of Science (далее – WoS)/Scopus) за 2016–2020 годы – 1 180 ед. Число статей в соавторстве с зарубежными учеными (2016–2020 годы) –196 ед. Число результатов интеллектуальной деятельности (далее – РИД) разных типов за 2016–2020 годы – 72 ед.

		Число лицензионных договоров за 2016–2020 годы – 250 ед. Доля научных работников (исследователей), осуществляющих преподавательскую деятельность в общей численности научных работников (исследователей) к 2020 году – не менее 10%. Число цитирований публикаций сотрудников, индексируемых в информационно-аналитической системе научного цитирования Российского индекса научного цитирования за 2016–2020 годы – 17250 ед.
8.	Этапы и сроки Реализации	Программа выполняется в 2016-2020 годах в пять этапов: 1 этап: с даты утверждения программы по декабрь 2016 год 2 этап: с января 2017 года по декабрь 2017 года 3 этап: с января 2018 года по декабрь 2018 года 4 этап: с января 2019 года по декабрь 2019 года 5 этап: с января 2020 года по декабрь 2020 года
9.	Общий объем финансирования Программы развития, в том числе по годам реализации	Общий объем: 4 410 707 тыс. руб., из них: 2016 год: 776 334,0 тыс. руб. 2017 год: 1 055 974,5 тыс. руб. 2018 год: 933 449,5 тыс. руб. 2019 год: 838 474,5 тыс. руб. 2020 год: 806 474,5 тыс. руб.
10.	Ожидаемые результаты реализации Программы развития	Исследовательские проекты: будут получены новые знания в области генетики человека, животных, растений и микроорганизмов; молекулярной генетике и клеточной биологии, биотехнологии и биоинформатике. Будут разработаны прорывные генетические технологии (а) маркёр-ориентированной селекции растений, (б) создания лабораторных животных – генетических моделей патологий человека, (в) создания рекомбинантных микроорганизмов для переработки возобновляемого растительного сырья в ценные целевые продукты (метаболиты и белки); (г) использования стволовых клеток в моделировании заболеваний человека и коррекции патологических состояний; (д) высокоточного редактирования геномов растений, животных, микроорганизмов; (е) создания генетических линий лабораторных животных (мыши и крысы) – моделей социально-значимых патологий человека. Будут расшифрованы на модельных животных молекулярно-генетические, биохимические и физиологические механизмы развития социально-значимых заболеваний. Будут выявлены особенности генетической изменчивости, ассоциированной с заболеваниями человека. Будут разработаны технологии информационно-компьютерной поддержки экспериментальных исследований в биотехнологии, генетике и селекции растений,

		животных и микроорганизмов. Инфраструктура: крупномасштабная модернизация существующей инфраструктуры ИЦиГ СО РАН; создание новых объектов инфраструктуры, прежде всего, опытных производств для выполнения проектов полного цикла; развитие высокотехнологичной приборной базы; приобретение новой высокопроизводительной сельскохозяйственной техники. Международная деятельность: будут сформированы новые международные лаборатории с участием зарубежных ученых; вхождение в состав одного нового международного консорциума; организация новой периодической международной конференции/симпозиума; заключено три новых договора о сотрудничестве с крупными зарубежными научными центрами. Научно-образовательная деятельность: будет увеличено число студентов, выполняющих дипломные работы на базе научных подразделений (до 50); будет увеличено число обучающихся в аспирантуре до 80–85 человек.

Раздел 1. Анализ текущей ситуации

1.1. Текущее состояние мировой и отечественной науки в области генетики и генетических технологий, их связь с отраслями экономики

Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Федеральный исследовательский центр Институт цитологии и генетики Сибирского отделения Российской академии наук» (далее – ИЦиГ СО РАН) проводит фундаментальные, фундаментально-ориентированные и прикладные исследования в областях биологии, медицины и сельского хозяйства, связанных с генетикой и применением генетических технологий, в основе которых лежат различные способы манипуляции генетическим материалом. В науках о жизни и их практических приложениях генетика играет роль центрального, интегрирующего звена, так как развитие человека, животных и растений, формирование их органов и тканей, клеточная дифференцировка, биохимические и физиологические процессы, взаимодействие с окружающей средой контролируются на основе информации, закодированной в их геномах. Также генетически контролируются все метаболические процессы в бактериальных клетках. Именно поэтому в мировых библиографических системах более 30% всех публикаций в области наук о жизни связаны с генетикой и ее приложениями.

Развитие и совершенствование генетических технологий происходит на фоне методической революции в изучении молекулярно-генетического уровня организации живых систем и возникновения на этой основе омиксных технологий (геномики, транскриптомики, протеомики, метаболомики). Развитие методов секвенирования и снижение стоимости расшифровки геномов привели к накоплению огромных объемов информации: к 2016 году расшифрованы десятки тысяч геномов различных видов эукариот и бактерий. Быстро развиваются методы изучения полных транскриптомов тканей, клеток и отдельных генов, давая ценную информацию об экспрессии генов и их регуляции; совершенствуются методы изучения генетической изменчивости на основе микрочиповых технологий и высокопроизводительного ресеквенирования геномов.

Совершенствование методов электрофореза, хроматографии и масс-спектрометрии привели к установлению сложности организации живых систем на протеомном и метаболомном уровнях: в клетках животных и растений экспрессируются миллионы белков, количество которых намного больше количества генов в их геномах, что обеспечивает возможность тонкой регуляции молекулярно-генетических процессов, протекающих в живых системах. Стремительно развиваются биоинформатика и системная компьютерная биология, без которых немыслимо проведение высокотехнологичных биологических исследований. Они играют ключевую роль в интеграции и анализе экспериментальных данных, моделировании особенностей структурно-функциональной организации живых систем и планировании новых экспериментов.

Важнейшие области практического применения генетики – селекция животных, растений и микроорганизмов, клеточная биология, генетика человека, биомедицина, фармакология, биотехнология, агробиология, в которых на основе генетических знаний разработаны эффективные технологии, ведущие к формированию новых отраслей производства и сфер оказания услуг, радикально изменяющих ландшафт современной экономики. Именно поэтому в развитых странах разработка генетических технологий осуществляется при крупномасштабной и планомерной поддержке государства и бизнеса. Например, в США их осуществляют агентство передовых оборонных исследовательских проектов (DARPA (англ. Defense Advanced Research Projects Agency), Департамент энергии, Национальные институты здоровья (NIH), Министерство сельского хозяйства, национальные лаборатории, крупные университеты и очень большое количество частных компаний.

Наиболее яркие примеры применения генетических технологий в реальном секторе экономики: (1) мировая фармакология в развитых странах при поиске новых фармакологических мишеней и создании новых лекарств практически полностью перешла на работу с лабораторными животными – генетическими моделями патологий человека; (2) в развитых странах в создании новых сортов сельскохозяйственных растений и пород животных доминирующее место занимают методы маркёр-ориентированной и геномной селекции. В России, в последние десятилетия как в фундаментальной генетике, так и в разработке генетических технологий наблюдается катастрофическое отставание, обусловленное отсутствием поддержки со стороны государства и бизнеса. Для ликвидации этого отставания и перехода к опережающему развитию необходима интенсификация исследований и разработок в критически значимых областях фундаментальной генетики и ее приложений, ориентированных на введение в практику современных генетических технологий. Именно это является главной мотивацией создания ИЦиГ СО РАН и реализации предлагаемой Программы развития, направленной на проведении фундаментальных, фундаментально-ориентированных и прикладных исследований в области генетических технологий и применения их результатов в сельском хозяйстве, биомедицине, фармакологии и биотехнологии.

1.2. Краткое описание ИЦиГ СО РАН и анализ научных компетенций организации

Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Федеральный исследовательский центр Институт цитологии и генетики Сибирского отделения Российской академии наук» (далее − ИЦиГ СО РАН) реорганизован в соответствии с приказом ФАНО России от 31 декабря 2014 года № 1418 «О реорганизации Федерального государственного бюджетного учреждения науки Института цитологии и генетики Сибирского отделения Российской академии наук и Федерального государственного бюджетного научного учреждения «Сибирский научно-исследовательский институт растениеводства и селекции» в форме присоединения второго учреждения к первому». Федеральное государственное бюджетное научное учреждение Сибирский научно-исследовательский институт растениеводства и селекции Сибирского отделения Российской академии сельскохозяйственных наук присоединено в форме филиала (далее – СибНИИРС - филиал ИЦиГ СО РАН) в марте 2015 года. Важнейшее значение в работе ИЦиГ СО РАН имеет комплексный подход к изучению генетических основ организации и функционирования живых систем на базе междисциплинарных исследований и интеграции экспериментальных и биоинформатических методов.

К числу приоритетных задач ИЦиГ СО РАН относятся: (а) получение фундаментальных знаний в области молекулярной генетики и клеточной биологии, биоинформатики, генетики человека, животных, растений и микроорганизмов; (б) разработка прорывных генетических технологий для селекции растений, животных и микроорганизмов, биотехнологии, генетики человека; (с) проведение полных циклов исследований от генерации фундаментальных знаний до прикладных разработок в интересах агропромышленного комплекса, биомедицины, фармакологии и биотехнологической промышленности Российской Федерации. Научные подразделения ИЦиГ СО РАН входят в состав четырёх отделений: генетики растений, генетики животных и человека, молекулярной генетики, клеточной биологии и биоинформатики, а также СибНИИРС – филиала ИЦиГ СО РАН. Исследования в рамках программы будут осуществляться по четырём проектам: (1) Генетическая платформа для решения задач селекции растений: фундаментальные исследования и прикладные разработки;

(2) Молекулярная генетика и клеточная биология; (3) Генетические основы биотехнологий и биоинформатика; (4) Генетика человека и животных.

Финансирование. Общий объем финансирования на конец 2015 года – 872 614 0,77 рублей. В том числе: бюджетное – 498 430 056,75 рублей, базовое бюджетное – 443 349 189,21 рубль, (из них СибНИИРС – 33 235 537,94 рублей), субсидии на иные цели – 107 897 596,80 рублей. Внебюджетное финансирование – 266 286 423,45 рубля (в том числе гранты – 187 741 362,50 рублей). Количество грантов на конец 2015 года: Российский фонд фундаментальных исследований (далее – РФФИ) – 113, в рамках Федеральных целевых программ (далее – ФЦП) – 3, Российский научный фонд (далее – РНФ) – 12, Правительства Российской Федерации для господдержки исследований под руководством ведущих ученых – 1, Президентской программы поддержки молодых ученых – 2, зарубежные гранты – 5, соглашения с зарубежными партнерами – 24, контракты, хоздоговоры – 19.

Патенты с государственной регистрацией в 2015 году (изобретения, селекционные достижения, товарные знаки) – 8 единиц, зарегистрированные программы для ЭВМ и базы данных – 3 единицы.

Совещания, конференции, научные школы – 4 единицы.

Издательская деятельность:

ИЦиГ СО РАН является соучредителем и издателем «Вавиловского журнала генетики и селекции», выпускаемого с 1997 года. Это рецензируемый научный журнал из списка Высшей аттестационной комиссии (ВАК), индексируемый в РИНЦ и в Russian Science Citation Index на платформе Web of Science, публикующий статьи на русском и английском языках. В конце 2017 года ИЦиГ СО РАН будет учрежден еще один рецензируемый (англоязычный) научный журнал – «Биоинформатика и системная биология». Основные цели издания данных журналов: усиление интеграции фундаментальной науки, ориентированных фундаментальных исследований и прикладных разработок в области генетики человека, животных, растений и микроорганизмов; освещение результатов междисциплинарных исследований в области биоинформатики, системной биологии, биотехнологии, биомедицины и нанобиотехнологии; усиление интеграции российских ученых в международное научное сообщество; укрепление лидирующих позиций ИЦиГ СО РАН по направлениям «генетика и селекция» и «биоинформатика и системная биология» в Российской Федерации.

ИЦиГ СО РАН активно работает в редакциях научных журналов: 17 сотрудников – члены редакционных коллегий зарубежных научных журналов: In Silico Biology (Нидерланды), Journal of Bioinformatics and Computational Biology (Англия), Journal of Integrative Bioinformatics (Германия), Asian-Australasian Journal of Animal Sciences AJAS (Южная Корея), Comparative Cytogenetics (Болгария), PLOS ONE (США), Molecular Cytogenetics (Англия), Plant Gene (Нидерланды), Chinese Journal of Physiology (Тайвань), Odonatologica (Нидерланды), Proceeding of the Latvian academy of sciences. Section B: Natural, exact and applied sciences (Латвия), Stress – the international journal of the biology of stress (Англия), Scientific Reports (Англия); 18 сотрудников – члены редакционных коллегий отечественных научных журналов из перечня Высшей аттестационной комиссии Минобрнауки России («Генетика», «Сибирский научный медицинский журнал», «Атеросклероз», «Российский кардиологический журнал», «Успехи геронтологии», «Философия науки», «Историко-биологические исследования», «Сибирский экологический журнал», «Онтогенез», «Успехи физиологических наук», «Вавиловский журнал генетики и селекции», «Журнал общей биологии»).

Диссертационный совет ИЦиГ СО РАН по защите докторских диссертаций Д 003.011.01 принимает к защите работы по трем специальностям: 03.02.07 – генетика, 03.03.04 – клеточная биология, цитология, гистология и 03.01.09 – математическая

биология, биоинформатика. За 2011–2015 годы сотрудниками ИЦиГ СО РАН в совете защищено 56 диссертаций.

Образовательная деятельность. ИЦиГ СО РАН имеет лицензию на право образовательной деятельности (№ 001852 от 1 марта 2004 года). Послевузовская подготовка научных кадров осуществляется по пяти специальностям: молекулярная биология (03.01.03), генетика (03.02.07), математическая биология, биоинформатика (03.01.09), физиология (03.03.01), клеточная биология, цитология, гистология (03.03.04), проходят обучение 60 аспирантов. В ИЦиГ СО РАН функционируют учебно-научный центр «Генетика» и четыре научно-образовательных центра (далее – НОЦ): НОЦ «Клеточная биология и генетика», НОЦ «Молекулярная биология и биоинформатика», НОЦ «Физиологическая генетика и биомедицина», НОЦ «Биотехнология растений и микроорганизмов» совместно с Томским государственным университетом.

Международное сотрудничество ИЦиГ СО РАН осуществляется совместно с ведущими зарубежными учеными в рамках международных программ, консорциумов и двусторонних договоров. В 2015 году в ИЦиГ СО РАН выполнялись совместные работы с зарубежными партнерами по 35 проектам: с Германией – 10 проектов, с США – 5 проектов. В ИЦиГ СО РАН регулярно проводятся международные конференции и симпозиумы с участием ведущих ученых из различных стран. В 2015 году ИЦиГ СО РАН проведено 5 международных мероприятий.

Научные компетенции. ИЦиГ СО РАН принадлежат лидерские позиции в российской и мировой науке по ряду актуальных направлений генетики, селекции, клеточной и молекулярной биологии, эволюционной и физиологической генетики, системной биологии, биотехнологии, биоинформатике и биомедицине, обусловленные наличием комплекса уникальных компетенций.

1) Генетика и селекция растений – высокий уровень компетенций в следующих областях: (а) классическая селекция сельскохозяйственных растений: создано более 135 сортов зерновых сельскохозяйственных культур, включенных в Госреестр селекционных достижений, возделываемых в 23 субъектах Российской Федерации; патенты на создание яровых и озимых сортов пшеницы на основе пшенично-ржаных, пшенично-пырейных гибридов и синтетических форм пшениц, разработка схем создания селекционных линий пшеницы с требуемой устойчивостью к грибным заболеваниям и срокам колошения; **(**б) хромосомная инженерия и маркёр-ориентированная селекция растений: ИЦиГ СО РАН занимает в Российской Федерации лидирующие позиции в этой новой области селекции, основанной на использовании ДНК-маркёров геномов растений для отбора перспективных форм, что существенно ускоряет процесс создания новых сортов с заданными свойствами; на этой основе созданы первые в Российской Федерации сорта пшеницы; опубликовано около 100 работ в ведущих журналах (Scopus), из них около 20 работ связаны с непосредственным внедрением маркёрных технологий в предселекционный и селекционный процесс; (в) методы расшифровки геномов сельскохозяйственных растений: ИЦиГ СО РАН – единственная в Российской Федерации организация, работающая в международном консорциуме по секвенированию генома мягкой пшеницы; (г) опыт создания трансгенных растений с заданными свойствами: измененными уровнями экспрессии генов, устойчивостью к фитопатогенам и абиотическим стрессам; патенты на создание трансгенных форм растений; (д) опыт создания новых источников возобновляемого растительного сырья для биотехнологических приложений: создан новый сорт многолетнего злака мискантуса «Сорановский» с уникальными свойствами – высоким уровнем целлюлозы (~ 45%) и низким уровнем лигнина (~17%); сорт зарегистрирован в Госреестре селекционных достижений в качестве новой технической культуры.

2) Генетика и селекция животных. Высокий уровень компетенций в следующих областях:(а) создание линий лабораторных животных – генетических моделей социально-значимых патологий человека, с использованием методов классической селекции и направленного внесения изменений в геномы животных, например, CRISPR/CAS9 технологий; созданы уникальные линии крыс и мышей – моделей таких патологий, как ожирение, ускоренное старение, болезнь Альцгеймера, гипертония, патологии поведения; (б) получение фундаментальных знаний о генетическом контроле физиологических систем, обеспечивающих важнейшие процессы жизнедеятельности, и механизмах возникновения и развития социально значимых заболеваний; (в) абсолютный мировой приоритет и уникальные компетенции в изучении процессов микроэволюционного формирования генетически-детерминированных комплексов поведенческих признаков у млекопитающих на основе разработанной академиком Д.К. Беляевым модели дестабилизирующего отбора; в рамках этого подхода при отборе на агрессивное и дружелюбное по отношению к человеку поведение были созданы уникальные линии доместицированных и агрессивных лисиц, крыс и норок.

3) Молекулярная и общая генетика человека. Высокий уровень компетенций в следующих областях: (а) создание банков ДНК человека (создан уникальный, самый крупный в России и соответствующий международным стандартам банк ядерной и митохондриальной ДНК народонаселения Сибири); (б) идентификация на российских популяциях ДНК-маркёров риска заболеваний человека и разработка на этой основе методов геномной диагностики социально-значимых заболеваний; (в) обширный опыт в области картирования генов, отвечающих за наследственную предрасположенность к социально значимым мультифакторным заболеваниям, с использованием методов полногеномного поиска локусов контроля количественных признаков, включая предрасположенность к социально-значимым заболеваниям; (г) палеогенетика человека: анализ популяционно-генетических особенностей и микроэволюции геномов древнего человека и особенностей его палеомиграции; за 2012–2016 годы по этому направлению опубликованы 10 статей в высокорейтинговых журналах: Nature, импакт-фактор 38.138 (Англия), Science, импакт-фактор 34.661 (США), Nature Genetics импакт-фактор 31.616 (США), Nature Protocols, импакт-фактор 9.646 (Англия).

4) Биотехнология. Высокий уровень компетенций в следующих областях: (а) формирование коллекций микроорганизмов для биотехнологических приложений (создана коллекция микроорганизмов из экстремальных экосистем, содержащая более 1 500 культур; штаммы коллекции охарактеризованы как традиционными методами микробиологии, так и современными подходами (микроскопия, полногеномное секвенирование, протеомный и метаболомный анализ); (б) генно-инженерные технологии создания рекомбинантных штаммов-суперпродуцентов, обеспечивающих эффективную трансформацию олиго- и моносахаров в конечные целевые продукты (метаболиты, такие как биоэтанол, молочная кислота, 1,3-пропандиол, целевые белки); (в) применение методов компьютерного моделирования для in silico дизайна штаммов-суперпродуцентов, характеризующихся термостабильностью и устойчивостью к высокому содержанию целевых продуктов в культуральной среде; (г) технология получения трансгенных растений-биореакторов, в геномы которых встраиваются гены, кодирующие целевые белки – модуляторы специфического иммунного ответа, синтезируемые в тканях растений. Результаты работ защищены более чем 20 патентами.

5) Молекулярная генетика и клеточная биология. Высокий уровень компетенций в следующих областях: (а) микроскопия биологических объектов и методы молекулярной биологии для реконструкции особенностей структурно-функциональной организации и эволюции хромосом и геномов эукариот, включая 3-D структуру хроматина интерфазного ядра; область применения: выявление механизмов

возникновения врожденных патологий развития при реорганизации хромосом у человека; (б) большой опыт исследований, базирующихся на омиксных технологиях (геномике, транскриптомике, протеомике, метаболомике), биоинформатике и системной компьютерной биологии; (в) владение современными технологиями изучения молекулярно-генетических механизмов клеточной дифференцировки и экспериментального перепрограммирования, работы со стволовыми клетками в моделировании заболеваний человека и коррекции патологических состояний; (г) богатый опыт изучения механизмов регуляции экспрессии генов на широком круге экспериментальных моделей; (д) разработка новых методов расшифровки транскрипционного регуляторного кода генома, изучения молекулярных механизмов экспрессии генов и массового выявления регуляторных SNPs, связанных с различными заболеваниями; (е) большой опыт исследования нетермического воздействия электромагнитного изучения на биологические системы и процессы с использованием методов молекулярной биологии, биоинформатики и ускорительной физики.

6) Биоинформатика и системная компьютерная биология. Высокий уровень компетенций в разработке для биоинформационной поддержки экспериментальных исследований в генетике человека, животных, растений, микроорганизмов и молекулярных биотехнологиях, включая создание баз данных и программного обеспечения для: (а) высокопроизводительного компьютерного анализа больших объемов экспериментальных данных, получаемых методами геномики, транскриптомики, протеомики и метаболомики; (б) получения новых знаний об организации сложных молекулярно-генетических систем; (в) компьютерной реконструкции, анализа и моделирования генных сетей, контролирующих клеточный метаболизм человека, животных и микроорганизмов и процессы развития тканей растений; (г) компьютерного поиска новых фармакологических мишеней в биологических макромолекулах; (д) доступа к распределенным мировым информационным ресурсам в области геномики, транскриптомики, протеомики, метаболомики, общей и молекулярной генетики, клеточной биологии, физиологии, фармакологии, биомедицины, биотехнологии, агробиотехнологии.

1.3. Анализ состояния материально-технической базы ИЦиГ СО РАН

Материально-техническая база ИЦиГ СО РАН располагается на территории пяти муниципальных образований Новосибирской области. Общий объём площадей 110 зданий и сооружений, находящихся в оперативном управлении ИЦиГ СО РАН – 72 тыс. кв. м, в бессрочном пользовании у ИЦиГ СО РАН имеется более 34 тысяч га земель сельхозназначения, на балансе организации стоит 565 единиц особо ценного движимого имущества (ОЦДИ), из них 192 объекта сельскохозяйственного назначения и 39 единиц автотранспорта для обеспечения сельскохозяйственных работ и поддержки экспедиционной деятельности.

В распоряжении ИЦиГ СО РАН имеется научное оборудование для выполнения исследовательских проектов на разных экспериментальных объектах (ОЦДИ – 335 ед., стоимость 1 234 897,6 тысяч рублей). Современные приборы собраны в сеть центров коллективного пользования (далее – ЦКП), включая (а) уникальную научную установку (далее – УНУ) SPF-виварий лабораторных животных, (б) ЦКП «Молекулярная генетика и микроскопия» (оборудование для функциональной геномики, протеомики, микроскопии разного уровня), (в) ЦКП клеточной биологии, (г) ЦКП биоинформатики, а также объектные ЦКП (Лаборатория искусственного выращивания растений, Центр пушных и сельскохозяйственных животных). Для выполнения полевых экспериментов, получения новых сортов сельскохозяйственных растений и семеноводства в распоряжении ИЦиГ СО РАН есть опытное сельскохозяйственное производство. В целом, существующие приборно-методические возможности позволяют выполнять исследования по широкому

кругу направлений. Однако некоторых важных позиций в приборном парке ИЦиГ СО РАН нет, что вынуждает заказывать экспериментальные работы в других научно-исследовательских институтах или частных компаниях, разрывает технологические цепочки крупных исследовательских проектов. В частности, на базе ИЦиГ СО РАН нет возможности проведения высокопроизводительного секвенирования геномов и транскриптомов. Большинство проектов в области генетики требует исследования транскриптомов и генетических вариаций геномов модельных объектов, также многие проекты ориентированы на секвенирование геномов de novo. Для решения этой проблемы планируется покупка секвенатора Illumina NextSeq на средства, которые будут выделены на Программу развития в 2016 году. Однако для перехода ИЦиГ СО РАН на качественно более высокий уровень исследований необходимы крупные целевые субсидии для развития его материально-технической базы.

Сельскохозяйственная техника. В Программе развития планируется увеличение парка сельскохозяйственной техники для проведения работ по получению новых сортов и их внедрению (исследовательский проект 1). Часть техники находится в нерабочем состоянии и требует замены. Службы ИЦиГ СО РАН разработали план по модернизации сельскохозяйственной техники и ее обновлению/замене (может быть предоставлен по запросу). Закупки планируется осуществить из целевого финансирования, выделенного на Программу развития в 2016 году (приведен в Пояснительной записке).

Капитальный ремонт. Состояние части объектов инфраструктуры аварийное или предаварийное, так как средства на капремонт в течение многих лет не выделялись. Службы ИЦиГ СО РАН сделали экспертную оценку состояния объектов инфраструктуры и разработали план проведения капремонта на 2016–2018 года (может быть предоставлен по запросу). Некоторую (небольшую) часть работ планируется выполнить из средств, которые будут получены в рамках Программы развития ИЦиГ СО РАН в 2016–2018 годах.

1.4. Кадровый потенциал ИЦиГ СО РАН

Согласно отчетным данным на 1 января 2016 года: количество штатных работников – 990 человек, ставок научных работников – 417 единиц, штатных научных сотрудников без степени – 112 человек, научных сотрудников до 39 лет – 175 человек, аспирантов – 54 человека. Научные подразделения ИЦиГ СО РАН сгруппированы в три Отделения (генетики растений; генетики животных и человека; клеточной биологии, молекулярной генетики и биоинформатики) и филиал ИЦиГ СО РАН (СибНИИРС). В составе ИЦиГ СО РАН имеется 31 лаборатория, 18 секторов и 6 ЦКП.

Таблица 1. Состав коллектива научных работников ИЦиГ СО РАН (на 1 января 2016 года)
(количество человек)

Должность	Общее число, человек	Кандидаты наук, человек	Доктора наук, человек	Без степени, человек	В том числе до 39 лет, человек
Заведующие структурных подразделений	60	29	29	2	4
Главные научные сотрудники	6	–	6	–	–
Ведущие научные сотрудники	24	11	13	–	–
Старшие научные сотрудники	100	81	10	9	12
Научные сотрудники	131	113	–	18	74
Младшие научные сотрудники	96	13		83	85
ИТОГО человек	417	247	58	112	175

Можно видеть, что численность научных работников возрастом менее 39 лет составляет около 42% от общей численности, что в целом соответствует заданным параметрам.

1.5. Оценка существующих внутренних и внешних вызовов

ИЦиГ СО РАН – мультидисциплинарный институт, работающий в большом количестве взаимосвязанных направлений генетики, генетических технологий и их приложений. В этом и заключается уникальность ИЦиГ СО РАН, не имеющая аналогов в Российской Федерации и позволяющая реализовать Программу развития, основанную на ключевых компетенциях ИЦиГ СО РАН, отвечающую на указанные ниже вызовы.

Внешние вызовы. В области генетики и селекции растений наиболее актуальные вызовы, обусловленные требованиями обеспечения продовольственной безопасности Российской Федерации, связаны с переходом на качественно более высокий уровень эффективности создания новых сортов продовольственных культур, для чего необходимы: (1) разработка генетических технологий, повышающих эффективность процесса создания высокопродуктивных и стрессоустойчивых сортов сельскохозяйственных растений (учитывая, что заимствование созданных на Западе сортов и технологий их ускоренного выведения затруднительно, так как в России иные климатические условия и расы фитопатогенов); (2) организация работы по постоянному выведению новых высокоэффективных сортов сельскохозяйственных растений на базе новых отечественных селекционно-генетических технологий (с учетом того, что существующие сорта сельскохозяйственных растений в течение ряда лет теряют устойчивость к заболеваниям из-за появления новых рас фитопатогенов, к которым эти сорта растений не имеют устойчивости); (3) введение в культуру и селекция новых сортов технических растений с высокой интенсивностью роста и продуктивностью биомассы, как источников возобновляемого сырья для биотехнологической переработки в широкий спектр продуктов с высокой добавочной стоимостью.

В области биоинформатики важнейшие вызовы связаны с созданием проблемно ориентированных информационно-компьютерных платформ для поддержки исследований в таких направлениях как генетика и селекция растений, животных и микроорганизмов, клеточная биология, биотехнология, биомедицина и фармакология. В современной мировой науке такие платформы обеспечивают анализ и интерпретацию огромных потоков данных, получаемых с помощью высокопроизводительных омиксных технологий и других экспериментальных подходов, а также генерацию новых знаний, планирование экспериментов для разработки новых генетических технологий.

В области биотехнологий крупнейший вызов – создание нового поколения эффективных биотехнологических процессов переработки возобновляемого растительного сырья в широкий круг продуктов с высокой добавочной стоимостью, для чего необходимо: (1) формирование национальной генетической коллекции микроорганизмов из экстремальных экосистем, перспективных для создания биотехнологий переработки возобновляемого растительного сырья; (2) создание на основе методов синтетической биологии, генетической инженерии и системной компьютерной биологии технологической платформы для получения новых рекомбинантных штаммов или искусственных микроорганизмов-суперпродуцентов с заданными свойствами; (3) разработка на их основе новых биотехнологических процессов переработки различных видов возобновляемого растительного сырья в ценные конечные химические продукты с высокой добавочной стоимостью; (4) создание на основе методов синтетической биологии и генетической инженерии штаммов-суперпродуцентов ферментов, обладающих оптимальными свойствами (повышенной термостабильностью и устойчивостью к условиям протекания реакций) для выполнения биотехнологических процессов; (5) создание на основе новых методов генетической инженерии и клеточной биологии технологической платформы для получения растений-биореакторов – суперпродуцентов широкого круга целевых продуктов (белков, метаболитов,

биологически активных веществ, сахаров и органических кислот) для биомедицины, фармакологии, ветеринарии, синтетической химии, производства полимеров.

К числу вызовов в области молекулярной генетики и клеточных технологий относятся следующие: (1) разработка молекулярно-генетической/клеточной платформы для высокоточного редактирования геномов человека, животных, растений и микроорганизмов, направленного на целевое изменение экспрессии генетической информации; это направление имеет исключительную значимость в связи с огромными перспективами применения в широком круге областей (биотехнология, селекция растений и животных, биомедицина); (2) создание экспериментально-компьютерной платформы для изучения молекулярных механизмов регуляции экспрессии генов на генетическом, эпигенетическом, клеточном и организменном уровнях в ответ на различные стрессовые воздействия, включая биологические, химические и физические факторы (на экспериментальных моделей человека, животных, растений и микроорганизмов); (3) создание экспериментально-компьютерной платформы, интегрирующей омиксные технологии (геномику, транскриптомику, протеомику, метаболомики) и биоинформатику для многопараметрического комплексного анализа биологических систем и процессов; (4) создание экспериментальной платформы, интегрирующей методы молекулярной генетики и клеточной биологии: (а) для изучения механизмов контроля клеточной дифференцировки; (б) разработки технологии управляемой дифференцировки эмбриональных и плюрипотентных стволовых клеток с целью их использования в клеточной терапии и регенеративной медицине; (в) методов коррекции наследственных заболеваний на геномном уровне; (г) создания экспериментальных клеточных моделей, предназначенных для исследования и терапии наследственных и приобретенных заболеваний человека и тестирования перспективных фармакологических препаратов;

В области генетики и селекции животных для ИЦиГ СО РАН наиболее значимы следующие вызовы: (1) создание экспериментальной платформы, основанной на методах современной генетики и клеточной биологии, с целью получения лабораторных животных с модифицированными геномами – генетических моделей широкого круга патологий человека; (2) создание на этой основе национальной коллекции генетических линий лабораторных животных – экспериментальных моделей социально значимых заболеваний человека для изучения молекулярных, клеточных, физиологических механизмов формирования патологий, проведения доклинических и трансляционных исследований новых фармакологических препаратов в соответствии с международными стандартами, что особенно значимо в связи критическим отставанием от современного уровня технологий создания лекарств в Российской Федерации; (3) изучение генетических механизмов функционирования нервной системы и мозга животных в норме и при патологиях и разработка на этой основе подходов для поиска новых фармакологических мишеней и лекарств, обеспечивающих коррекцию социально значимых патологий и, прежде всего, заболеваний мозга, неуклонный рост которых становится в развитых странах ощутимой социально-экономической проблемой; (4) изучение молекулярно-генетических, биохимических, гормональных и физиологических механизмов формирования агрессивного, депрессивного и доброжелательного поведения человека на генетических линиях лабораторных животных, создаваемых методом моделирования микроэволюционного процесса животных в рамках теории дестабилизирующего отбора академика Д.К. Беляева. Эти исследования имеют огромную актуальность в связи с необходимостью выявления генетических детерминант, маркирующих агрессивный типа поведения человека, а также в связи с широким распространением заболеваний, в основе которых лежит депрессивный тип поведения.

В области молекулярной и общей генетике человека актуальными вызовами для ИЦиГ СО РАН являются: (1) крупномасштабный мониторинг генетического разнообразия популяций и структуры генофонда народонаселения Российской Федерации, включая Сибирь и приграничные регионы Северной Евразии; создание на этой основе биобанка ядерной и митохондриальной дезоксирибонуклеиновой кислотой (далее – ДНК) различных этнических групп, а также когорт пациентов с различными социально-значимыми заболеваниями для исследований в области медицинской генетики, персонализированной медицины и эволюции человека; (2) создание высокопроизводительных технологий массовой молекулярной диагностики ДНК-маркёров наследственных заболеваний и предрасположенности к социально-значимым заболеваниям, имеющим мультифакториальную природу, на основе секвенирования индивидуальных геномов или отдельных генетических локусов на основе анализа биобанка ДНК; построение карт распространенности социально-значимых заболеваний или предрасположенности к ним; (3) получение новых знаний о популяционных и молекулярно-генетических механизмах формирования современных особенностей генома человека и его вариабельности в Северной Азии на основе глубокого высокопроизводительного геномного секвенирования; (4) выявление генетических маркёров предрасположенности к адаптации человека к различным климато-географическим условиям и чувствительности к антропогенным воздействиям; (5) идентификация молекулярно-генетических, физиологических и экологических факторов, контролирующих репродуктивный потенциал населения России; (6) реконструкция исторического (на глубину до 10 тыс. лет) процесса формирования генофонда населения России на основе анализа генофондов современных этнических групп России и палеогенетического материала (начиная с раннего палеолита), что имеет важное значение для решения задач геополитики и формирования гармоничных межэтнических отношений.

Внутренние вызовы.Совершенствование механизмов организации научного процесса: выраженный акцент на организацию исследований и разработок в рамках проектов полного цикла для решения насущных проблем биотехнологии, медицины и сельского хозяйства. .Развитие приборно-методической базы: закупка современного высокотехнологичного оборудования для выполнения омиксных исследований, микроскопии биологических объектов и биоинформатики; развитие сети ЦКП для совместного использования подразделениями ИЦиГ СО РАН дорогостоящего научного оборудования, а также подготовки высококвалифицированных специалистов; создание инжиниринговых центров для отработки генетических технологий.

Развитие инфраструктуры. Прежде всего, необходима крупномасштабная модернизация как существующей инфраструктуры ИЦиГ СО РАН (капитальный ремонт зданий, построенных более 50 лет назад, систем тепло-, водо-, электроснабжения). Необходимо также создание новых объектов инфраструктуры, прежде всего, опытных производств для выполнения проектов полного цикла. К их числу относится звероферма, а также центр селекции и оригинального семеноводства, включающий тепличный комплекс, фитотрон для проведения селекционно-генетических экспериментов с растениями в контролируемых условиях, склады для хранения семенного материала, а также комплекты современной сельскохозяйственной техники, обеспечивающие технологические циклы семеноводства для ряда сельскохозяйственных культур. Особо остро стоит вопрос о развитии инфраструктуры в пос. Елбаши – базовой площадке ИЦиГ СО РАН для проведения работ по генетике и селекции растений.

Развитие кадрового потенциала. Подготовка высококвалифицированных научных кадров, поддержание оптимального возрастного состава научных работников. Требует развития научно-образовательного отдела ИЦиГ СО РАН и организации систематической работы с целевыми вузами, формирование новых базовых кафедр в

профильных университетах, развития магистратуры и аспирантуры, корректировки образовательных программ в дополнение к существующим Федеральным государственным образовательным стандартам (далее – ФГОС).

Международное сотрудничество. Проведение исследований на высоком научно-методическом уровне требует кооперации с ведущими зарубежными научными центрами, так как это позволяет использовать уникальные научные установки и приборно-методическую базу, осваивать передовые технологии. Вызовом является создание сети международных лабораторий на базе ИЦиГ СО РАН и крупных научных центров, полноценное участие в международных консорциумах, а также систематическое проведение международных научных конференций.

1.6. Выявление проблематики, влияющей на развитие ИЦиГ СО РАН

Выявление проблематики, актуальной для формирования Программы развития, осуществлялось путем анализа текущего состояния дел и необходимости ответа на вызовы внешнего и внутреннего характера, стоящие перед ИЦиГ СО РАН. Краткий перечень этих вызовов приведён выше. Проблематика внешних вызовов определяет актуальные направления исследований в областях науки, входящих в сферу компетенций ИЦиГ СО РАН и учитывающихся при разработке программ исследований и при формировании исследовательских проектов Программы развития – эта работа проводится на постоянной основе, так как наука развивается и актуальные «точки приложения сил» могут меняться. Проблематику внутренних вызовов определяют «лимитирующие звенья», ограничивающие эффективность работы структурных подразделений и проведение исследований и разработок. Это относится к состоянию базовой инфраструктуры (капитальный ремонт и приобретение оборудования, в том числе высокотехнологичного научного оборудования), реконструкции и строительству новых объектов инфраструктуры, подготовке научных кадров и совершенствованию системы управления ИЦиГ СО РАН. в разделе 2 и Пояснительной записке Программы развития приведены перечни решаемых проблем по этим направлениям и представлен план их решения, исходя из имеющихся в распоряжении ИЦиГ СО РАН ресурсов (включая доведенные лимиты бюджетного финансирования на реализацию Программы развития – в рамках базового сценария), а также перспективный сценарий Программы развития, основанный на получении дополнительных средств из других источников.

Раздел 2. Цели, задачи, сроки мероприятия и риски реализации Программы развития

2.1. Цели программы развития ИЦИГ СО РАН

Стратегическая цель (миссия) ИЦиГ СО РАН: решение приоритетных задач развития научно-технологического комплекса Российской Федерации в области генетики и селекции растений, генетики и селекции животных, генетики человека и биотехнологии на основе методов молекулярной генетики, клеточной биологии и биоинформатики.

Приоритетные задачи ИЦиГ СО РАН: (а) получение новых фундаментальных знаний в области общей и молекулярной генетики и клеточной биологии; (б) разработка на этой основе прорывных генетических технологий для агропромышленного комплекса, медицины и биотехнологии в Российской Федерации; (в) проведение проектов полного цикла исследований от генерации фундаментальных знаний до прикладных разработок в указанных областях.

Позиционирование ИЦиГ СО РАН будет осуществляться по следующим направлениям:

достижение прорывных результатов, обеспечивающих конкурентные позиции Российской Федерации в таких стратегически важных для государства областях, как науки о жизни, медицина, фармакология, биотехнологии, биоэнергетика, биоинформационные технологии, на основе проведения междисциплинарных фундаментальных научных исследований полного цикла: от генерации знаний до прикладных разработок и опытно-конструкторских работ;

подготовка технических решений и разработка технологий, критически значимых для модернизации экономики Российской Федерации и создания новых, актуальных для страны технологических укладов;

участие в разработке критических технологий, утвержденных Указом Президента Российской Федерации от 7 июля 2011 года № 899; исследования и разработки в интересах таких технологических платформ, как «Медицина будущего», «Биотех-2030», «Биоэнергетика», «Национальная программная платформа», «Национальная суперкомпьютерная технологическая платформа», а также в интересах обеспечения продовольственной безопасности Российской Федерации;

реализация научно-исследовательских программ, направленных на развитие агропромышленного и биотехнологического комплексов Сибири и других территорий Российской Федерации;

организация комплексных проектов научных исследований и международной кооперации с научными институтами, университетами, организациями и компаниями – мировыми лидерами по направлениям научной программы ИЦиГ СО РАН.

Таким образом, цели Программы развития ИЦиГ СО РАН заключаются в создании условий для повышения эффективности проведения исследований и разработок и достижения стратегических целей существования ИЦиГ СО РАН.

2.2. Задачи, мероприятия, сроки реализации проектов программы развития ИЦиГ СО РАН

Программа развития включает комплекс мероприятий, направленных на достижение основной цели (выполнение исследовательской программы для решения задач научно-технологического развития Российской Федерации) и включающих актуализацию исследовательской программы, повышение эффективности использования базовой и специализированной научной инфраструктуры, а также имущественного комплекса, подготовку высококвалифицированных научных работников. Ниже приведено краткое описание основных задач и мероприятий Программы развития.

Задача 1: Актуализация исследовательской программы ИЦиГ СО РАН: повышение эффективности проведения фундаментальных исследований и инновационных разработок, участие в международных проектах

Актуализация исследовательской программы будет решаться в рамках четырех комплексных исследовательских проектов, детально описанных ниже. В проекте Программы развития представлен базовый сценарий, основанный на использовании имеющихся финансовых источников (государственное задание, дополнительное финансирование по Программе развития, внебюджетные источники, включая РНФ и ФЦП).

Перечень мероприятий данного раздела Программы развития представлен ниже.

Мероприятие 1. Исследовательский проект «Генетическая платформа для решения задач селекции растений: фундаментальные исследования и прикладные разработки» (ИП1):

тема 1.1 «Генетический контроль формирования признаков растений»;

тема 1.2 «Создание и внедрение в практику новых сортов сельскохозяйственных культур, сочетающих устойчивость к биотическим и абиотическим факторам среды с комплексом хозяйственно ценных признаков и свойств».

Мероприятие 2. Исследовательский проект «Молекулярная генетика и клеточная биология» (ИП2):

тема 2.1 «Молекулярная генетика»;

тема 2.2 «Структурно-функциональная и пространственная организация эукариотической клетки»;

тема 2.3 «Стволовые клетки в моделировании заболеваний человека и коррекции патологических состояний».

Мероприятие 3. Исследовательский проект «Генетические основы биотехнологий и биоинформатика» (ИП3):

тема 3.1 «Молекулярные биотехнологии»;

тема 3.2 «Биоинформатика и системная компьютерная биология».

Мероприятие 4. Исследовательский проект «Генетика человека и животных» (ИП4):

тема 4.1 «Генетика и селекция животных»;

тема 4.2 «Генетика человека».

Мероприятие 1. Исследовательский проект «Генетическая платформа для решения задач селекции растений: фундаментальные исследования и прикладные разработки».

Основной целью проведения работ по исследовательскому проекту (далее – ИП1) является изучение генетических основ формирования фенотипических признаков у хозяйственно ценных видов растений и разработка технологической платформы для ускоренной селекции новых сортов с заданными характеристиками продуктивности и стрессоустойчивости. В рамках направления будут проводиться следующие работы: (1) проведение комплекса фундаментальных и поисковых исследований, направленных на изучение генетического контроля формирования хозяйственно ценных признаков, в том числе с привлечением модельных объектов и методов трансляционной агробиологии; (2) разработка новых генетических моделей и анализ структурно-функциональной организации ряда генных сетей; (3) выявление источников новых генов и их аллелей в природных и искусственно-созданных популяциях, в том числе для планирования селекционных программ; (4) разработка технологий, повышающих эффективность процесса создания новых высокопродуктивных и стрессоустойчивых сортов сельскохозяйственных растений, адаптированных для культивирования на территории Российской Федерации; (5) получение новых сортов сельскохозяйственных растений с улучшенными свойствами и их внедрение в практическое сельское хозяйство на территории Российской Федерации.

Тема 1.1 «Генетический контроль формирования признаков растений».

Выполнение этой части проекта позволит создать необходимую базу (резерв генетической изменчивости) для проведения фундаментальных работ в области общей и молекулярной генетики, физиологии, биохимии и эволюции растений, а также для выполнения прикладных работ в области селекции растений для сельского хозяйства и промышленности в рамках проектов полного цикла. В рамках темы будет осуществляться комплекс взаимосвязанных научно-исследовательских работ (далее – НИР), направленных на (а) создание и поддержание генетических коллекций сельскохозяйственных растений, (б) исследование молекулярно-генетических механизмов формо- и видообразования растений и их эволюционной адаптации к различным эколого-климатическим условиям, (в) изучение генетического контроля процесса развития растений, формирования фенотипических признаков и физиологических характеристик, (г) использование генетических технологий для

создания новых линий-доноров хозяйственно ценных генов для решения задач практической селекции.

Создание и поддержание генетических коллекций сельскохозяйственных растений. В настоящее время «рабочий» генофонд возделываемых видов сельскохозяйственных растений сильно обеднен вследствие систематического отбора небольшого числа аллелей генов, что резко сужает имеющиеся возможности дальнейшей селекции. В настоящее время в Российской Федерации нет генетических коллекций, ориентированных на сбор и сохранение уникальных генетических линий (фен- и генколлекций) возделываемых растений, что является одной из ключевых задач. В ИЦиГ СО РАН собраны рабочие коллекции наиболее адаптированных к условиям Сибири сортов сельскохозяйственных растений, обладающих рядом хозяйственно ценных признаков, обеспечивающих стабильное получение высоких урожаев в различных эколого-климатических условиях, что делает их ценным генетическим ресурсом для селекционных программ.

Изучение генетического контроля процесса развития растений, формирования фенотипических признаков и физиологических характеристик. Генетический контроль многих хозяйственно ценных признаков растений сложен, и в представлениях о соответствующих молекулярных механизмах имеются существенные пробелы. При этом генные сети, отвечающие за формирование признаков, часто перекрываются, и отбор на улучшение одного признака может сопровождаться нежелательными изменениями других значимых параметров. С учетом того что высокоэффективные сорта растений должны быть оптимизированы по максимально возможному комплексу морфологических, биохимических и физиологических характеристик, селекционно-генетические программы должны быть основаны на глубоких знаниях фундаментальных основ организации биологических процессов на разных уровнях. При этом фундаментальные знания, которые получают главным образом на модельных объектах (Arabidopsis thaliana, Oryza sativa), должны быть правильным образом адаптированы для описания сельскохозяйственных растений (трансляционная агробиология). В частности, это касается геномов основных продовольственных злаковых культур Российской Федерации (пшеница, ячмень, рожь), а также картофеля. В рамках этого направления работы планируется секвенирование геномов и транскриптомов сельскохозяйственных растений, направленное на полномасштабное маркирование геномов и идентификацию генов, влияющих на развитие и адаптацию растений. Одна из частей работы будет направлена на изучение генетического контроля и механизмов, лежащих в основе репродуктивной изоляции и интрогрессивной гибридизации. Ввиду того, что в процессе эволюции сложились барьеры несовместимости, создание гибридов и интрогрессивных форм во многих случаях затруднено или непреодолимо. В связи с этим исследования характера несовместимости при отдаленной гибридизации являются весьма актуальными для изучения фундаментальных принципов организации и эволюции геномов растений и для интродукции новых генов в генофонд сельскохозяйственных растений. Другим направлением использования данных геномного секвенирования в селекции является разработка высокопроизводительных маркёров для маркёр-ориентированной и геномной селекции сельскохозяйственных растений.

Использование генетических технологий для создания новых линий-доноров хозяйственно ценных генов для решения задач практической селекции. Несмотря на трудности в передаче хромосом ржи, ячменя, дикорастущих видов в геном пшеницы, гибридные формы этих видов обладают большим потенциалом генетической изменчивости и являются бесценным источником новых хозяйственно ценных генов: известно, что из примерно 80 известных генов и QTL, контролирующих устойчивость к бурой ржавчине, более 40 перенесено в пшеницу от дикорастущих сородичей. Однако

существует ряд препятствий, ограничивающих широкое применение гибридизации между видами пшеницы и родственными злаками с целью интрогрессии генетического материала: гибридные растения часто обладают пониженной фертильностью, которая постепенно возрастает в следующих поколениях при скрещивании с родительской формой. В рамках работы с помощью клеточных технологий планируется получение отдаленных гибридов для изучения фундаментальных аспектов стабильности геномов, а также для создания новых селекционных линий яровой и озимой пшеницы, обладающих высокой продуктивностью, иммунностью к заболеваниям (стеблевой ржавчине, листовой ржавчине и другим фитопатогенам), устойчивостью к неблагоприятным факторам внешней среды (экстремальным температурам, засухе, заморозкам).

Тема 1.2 «Создание и внедрение в практику новых сортов сельскохозяйственных культур, сочетающих устойчивость к биотическим и абиотическим факторам среды с комплексом хозяйственно ценных признаков и свойств».

В рамках этой части ИП1 фундаментально-научные результаты будут использоваться для получения новых сортов сельскохозяйственных растений с улучшенными свойствами, в том числе для Сибирского региона. В Сибирском регионе большое разнообразие эколого-климатических условий, что делает необходимым создание новых сортов с различным периодом вегетации, имеющих различные виды устойчивости к возбудителям болезней, с различными параметрами качества продукции. Планируется осуществлять подбор исходного материала для селекции сельскохозяйственных культур, оценку селекционных образцов по комплексу хозяйственно ценных признаков, отбор перспективных линий и передачу новых сортов в Государственное сортоиспытание по следующим культурам: пшеница мягкая яровая, пшеница мягкая озимая, озимая рожь, ячмень, овес, зернобобовые, картофель, овощные культуры. Планируется разработка сортовых технологий возделывания растений для вышеперечисленных культур, а также для мискантуса китайского – источника целлюлозосодержащего сырья, который в производственных масштабах выращивают во многих странах мира. В качестве инструмента внедрения новых сортов в ИЦиГ СО РАН предусмотрено семеноводство на базе опытного сельскохозяйственного производства.

План работы по ИП1 в рамках базового сценария Программы развития (перспективный сценарий описан в «Пояснительной записке» в разделах 3.3–3.5).

2016 год: Экспериментальные генетические коллекции растений: систематический сбор, описание, паспортизация сельскохозяйственных растений и родственных видов. Разработка генетических моделей для изучения генов, контролирующих: продолжительность фаз развития, биосинтез антоцианов и хлорофилла, развитие соцветия, форму колоса, качество зерна, устойчивость к различным фитопатогенам и вредителям (бурой и листовой ржавчине, золотистой картофельной нематоде, вирусам табачной и огуречной мозаики). Изучение структуры геномов растений: гены устойчивости к патогенным грибам, генетические маркёры на устойчивость к бурой ржавчине пшеницы, организация хромосомы 5В мягкой пшеницы. Механизмы репродуктивной изоляции и интрогрессивной гибридизации растений, ядерно-цитоплазматическая несовместимость (модели: злаки, горох). Реконструкция событий эволюционной истории растений. Новые генотипы для НИР и селекционных программ: получение и фенотипирование гибридных форм и интрогрессивных линий зерновых и зернобобовых растений с использованием доноров новых генов устойчивости к абиотическим стрессам и фитопатогенам, изучение аллоплазматических дигаплоидных линий. Получение и скрининг гибридных форм овощных культур и картофеля (сорта, селекционные формы, доноры ценных признаков). Выделение перспективных форм для селекции. Новые сорта

сельскохозяйственных растений, внедрение в практику: создание новых сортов сельскохозяйственных культур, разработка сортовых агротехнологий выращивания полевых, зернобобовых, овощных и технических культур. Производство в питомниках первичного семеноводства оригинальных семян сортов собственной селекции ИЦиГ СО РАН.

2017 год: Экспериментальные генетические коллекции растений: систематический сбор, описание, паспортизация сельскохозяйственных растений и родственных видов. Разработка генетических моделей для изучения генов, контролирующих: количество цветков в колосе, качество зерна, продолжительность фаз развития, биосинтез вторичных метаболитов, форму колоса (ломкоколосость), устойчивость к различным фитопатогенам и вредителям. Изучение структуры геномов и транскриптомов растений: секвенирование короткого плеча хромосомы 5B генома пшеницы, транскриптома Solanum tuberosum и S. phureja, исследование структурно-функциональной организации мРНК генов растений, ГМ-растения картофеля с увеличенной экспрессией S-подобных РНказ. Сравнительный анализ структур пластидного и митохондриального геномов эволюционно отдаленных дикорастущих форм гороха. Новые генотипы для НИР и селекционных программ: влияние чужеродных хромосом на ядерно-цитоплазматические взаимодействия и мейоз у злаковых. Влияния замещений/транслокаций от ржи, ячменя, пырея, тетраплоидных пшениц на структуру гибридных геномов мягкой пшеницы и проявление основных фенотипических признаков. Оценка аллоплазматических дигаплоидных и интрогрессивных линий на проявление адаптивных и хозяйственно ценных признаков в разных экологических условиях. Новые сорта сельскохозяйственных растений, внедрение в практику: анализ новых генотипов в селекционных питомниках. Выделение в СП-1, СП-2 генотипов, устойчивых к полеганию, болезням, с высокими показателями по элементам продуктивности. Сравнительная оценка в питомниках конкурсного испытания. Создание и передача сортов сельскохозяйственных культур в Государственное сортоиспытание. Разработка сортовых агротехнологий. Производство в питомниках первичного семеноводства оригинальных семян сортов сельскохозяйственных культур.

2018 год: Экспериментальные генетические коллекции растений: систематический сбор, описание, паспортизация сельскохозяйственных растений и родственных видов, составление компьютерных баз данных (далее – БД) полевых культур и доноров селекционно-ценных признаков полевых культур. Разработка генетических моделей для изучения генов, контролирующих: содержание клейковины, антиоксидантов в зерновке злаков и клубнях картофеля, определяющих развитие растений (в том числе «остистость – безостость» у злаков), содержание лигнина и его химический состав, механическую прочности стебля, устойчивость к различным фитопатогенам и вредителям. Фенотипические проявления различных аллелей генов VRN мягкой пшеницы. Изучение структуры геномов растений: секвенирование районов локализации генов злаков, определяющих устойчивость к грибным патогенам и формирование многоцветковых форм растений. Использование геномного редактирования для получения форм ячменя с измененной структурой генов Nud и Vrs. Новые генотипы для НИР и селекционных программ: поиск линий мягкой пшеницы с новыми транслокациями и чужеродными замещениями в геноме, оценка фенотипических проявлений. Получение новых интрогрессивных линии яровой мягкой пшеницы – носителей хромосом дикорастущего ячменя *H. marinum*. Изучение совместимости отдаленных форм гороха на основе соответствия первичных структур ядерных и пластидного генов субъединиц ацетил-КоА-карбоксилазы. Новые сорта сельскохозяйственных растений, внедрение в практику: анализ гибридного материала в СП, создание новых рекомбинантных форм полевых и овощных культур и их

селекционная оценка. Производство в питомниках первичного семеноводства оригинальных семян сортов сельскохозяйственных культур.

2019 год: Экспериментальные генетические коллекции растений: систематический сбор, описание, паспортизация сельскохозяйственных растений и родственных видов, составление компьютерных БД полевых и овощных культур с результатами их полевых оценок и БД доноров селекционно-ценных признаков полевых культур. Разработка генетических моделей для изучения генов, контролирующих: развитие растений и устойчивость к фитопатогенам и абиотическим стрессам. Изучение структуры геномов растений: секвенирование районов локализации генов, влияющих на стабильность гибридных форм мягкой пшеницы. Сравнительный анализ центромерных районов хромосом пшеницы и ржи. Исследование структурно-функциональной организации генов сельскохозяйственных растений. Новые генотипы для НИР и селекционных программ: поиск линий мягкой пшеницы с новыми транслокациями и чужеродными замещениями в геноме, оценка фенотипических проявлений. Наследование чужеродного генетического материала у аллоплазматических интрогрессивных линий мягкой пшеницы, влияние интрогрессий на качество зерна и адаптивно значимые признаки. Создание озимых пшенично-ржаных 5R(5A) замещенных и транслоцированных линий по озимым сортам пшеницы и ржи. Изучение репродуктивной совместимости ряда дикорастущих форм гороха с другими представителями рода Pisum. Новые сорта сельскохозяйственных растений, внедрение в практику: отбор из гибридного материала новых рекомбинантных форм полевых и овощных культур в санитарных правилах для создания и их селекционная оценка. Подготовка и передача в Государственное сортоиспытание сортов сельскохозяйственных культур, адаптированных к условиям возделывания. Производство в питомниках первичного семеноводства оригинальных семян сортов сельскохозяйственных культур.

2020 год: Экспериментальные генетические коллекции растений: систематический сбор, описание, паспортизация сельскохозяйственных растений и родственных видов и составление компьютерной базы данных коллекционных образцов полевых культур, с результатами их полевых оценок. Дополнение базы данных доноров селекционно-ценных признаков по полевым культурам и составление БД доноров по овощным культурам. Разработка генетических моделей для изучения генов, контролирующих: устойчивость к стеблевой и листовой ржавчине, спаривание гомеологичных хромосом во время мейоза, проявление гибридного некроза у гибридов мягкой пшеницы. Изучение структуры геномов и транскриптомов растений: данные о структуре транскриптома хромосомы 5B мягкой пшеницы, изучение характера межгеномных замещений и образования транслокаций в генотипической среде мягкой пшеницы с участием других видов злаков. Анализ проявления фертильности и цитогенетической стабильности у самоопыленных потомков гаметоклонов интрогрессивных линий мягкой пшеницы. Новые генотипы для НИР и селекционных программ: получение новых линий пшеницы с генетическим материалом пырея. Выявление и использование диагностических маркёров для селекционно значимых локусов ячменя. Изучение репродуктивной совместимости перспективного в хозяйственном отношении дикого гороха вида Pisum fulvum с культурным горохом в зависимости от структуры генов субъединиц ацетил-коА-карбоксилазы. Новые сорта сельскохозяйственных растений, внедрение в практику: оценка новых селекционных форм сельскохозяйственных культур, выделение в питомниках селекционного процесса образцов, устойчивых к полеганию, болезням, с высокой выраженностью элементов продуктивности и качеством продукции. Подготовка и передача на ГСИ сортов сельскохозяйственных культур. Производство в питомниках первичного семеноводства оригинальных семян сортов сельскохозяйственных культур.

По мероприятию 1. Исследовательский проект «Генетическая платформа для решения задач селекции растений: фундаментальные исследования и прикладные разработки» ожидаемые результаты:

2016 год: Экспериментальные генетические коллекции растений: коллекция пополнена не менее 70 новыми образцами, выявлено не менее 20 перспективных образцов полевых и овощных культур, охарактеризованы по аллелям VRN1 145 сортов и линий мягкой пшеницы. Результаты генотипирования сортов мягкой пшеницы (по SSR и ISBP маркёрам, активности ароматической ADH), видов рода Fragaria (цитологический и гибридологический анализ). Разработаны генетические модели и идентифицированы гены, контролирующие: филлотаксис соцветия, влияющие на количество цветков/зерновок в колоске, структуру колоса и технологические свойства зерна. Изучение структуры геномов и транскриптомов растений: Консенсусная физическая карта хромосомы 5B мягкой пшеницы (не менее 60 суперконтигов). Характеристики мРНК генов растений, связанные с эффективностью трансляции. Сравнительный анализ структурно-функциональной организации генов злаков Chi в G и S геномах, генов HOX1, VRN-A1 и VRN-B1, VRN-B3, PPD-A1 и PPD-B1, влияющих на сроки колошения пшеницы, гена Nud ячменя. Методика генотипирования растений пшеницы на устойчивость к бурой ржавчине. Влияние аллелей генов Sog, Sog2 на морфологию колоса у сородичей пшеницы. Новые генотипы для НИР и селекционных программ: пшенично-чужеродные линии со множественными замещениями/транслокациями (комплексные генотипы с несколькими чужеродными генами устойчивости к болезням). Оценка эффективности метода культивирования пыльников при получении дигаплоидных линий на основе эу- и аллоплазматических линий мягкой пшеницы. Влияние хромосом ржи на структуру генома пшенично-ржаных гибридов. Формы S. phureja, устойчивые к золотистой картофельной нематоде (далее – ЗКН), формы S. tuberosum с контрастными фенотипическими признаками. Новые сорта сельскохозяйственных растений, внедрение в практику: новые гибридные комбинации полевых, овощных культур и картофеля. Будут подготовлены для передачи на государственные испытания (далее – ГСИ) следующие сорта сельскохозяйственных культур: один сорт пшеницы мягкой яровой, раннеспелый; один сорт лука-шалота; один сорт перца сладкого. Будут выделены сорта пшеницы мягкой яровой с положительной реакцией на снижение норм высева и повышения уровня почвенного плодородия. Уточнены элементы сортовой технологии для одного сорта пшеницы мягкой яровой собственной селекции. Оригинальные семена 22 сортов полевых культур, 25 тысяч микроклубней оздоровленного картофеля, 10–12 тонн посадочного материала картофеля супер-суперэлита, посадочный материал оригинальных сортов овощных культур.

2017 год: Экспериментальные генетические коллекции растений: коллекция пополнена не менее 70 новыми образцами, выявлено не менее 20 перспективных образцов полевых и овощных культур, паспорта 150 образцов мягкой пшеницы по запасным белкам эндосперма, морфометрические данные репродуктивных признаков видов рода Fragaria, SNP-карты 96 сибирских сортов ячменя. Разработка генетических моделей для изучения генов, контролирующих: адаптивные признаки мягкой пшеницы, филлотаксис у сородичей пшениц (ортологи), антоциановую окраску зерновки, сохранения жизнеспособности семян пшеницы и ячменя после старения. Изучение структуры геномов и транскриптомов растений: нуклеотидная последовательность короткого плеча хромосомы 5B генома мягкой пшеницы. Предсказание новых белков растений, участвующих в ответе на фитопатогены. Генные сети контроля фенотипических признаков картофеля, выделение генов-кандидатов устойчивости к ЗКН, антоциановой окраски. Аллельные варианты гена Vrs ячменя, Q-5A, Q-5B и Q-5D для образцов видов ди- и гексаплоидных пшениц с ломким и неломким колосом. Новые генотипы для НИР и селекционных программ: гибриды между искусственными

амфиплоидами пшениц. Полиэмбриония при получении дигаплоидных линий мягкой пшеницы. Пшенично-ржаные амфигаплоиды с геномной формулой ABR (3*x* = 21): мейотические механизмы восстановления фертильности. Роли отдаленной гибридизации, приводящей к дискордантной эволюции геномов органелл, в эволюции предков дикого гороха. Новые сорта сельскохозяйственных растений, внедрение в практику: будут подготовлены для передачи на ГСИ следующие сорта сельскохозяйственных культур: один сорт ячменя ярового, один сорт томата; один сорт перца сладкого, один сорт чеснока озимого. Агротехнологии оригинальных сортов. Оптимизация агротехнологий мискантуса. Оригинальные семена 22 сортов полевых культур, 25 тысяч микроклубней оздоровленного картофеля, 10–12 тонн посадочного материала картофеля супер-суперэлита, посадочный материал оригинальных сортов овощных культур (20–25 сортов).

2018 год: Экспериментальные генетические коллекции растений: Пополнение коллекций новые образцы зерновых (30) и овощных (10) культур, выявление не менее 20 перспективных образцов для научно-исследовательских работ и селекционных программ. Создана электронная БД образцов пшеницы мягкой яровой с результатами оценки в полевых условиях и каталог доноров селекционно-ценных признаков для селекции пшеницы, составлены SNP-карты / запасные белки 150 перспективных образцов мягкой пшеницы. Расовый состав популяций возбудителей основных заболеваний сельскохозяйственных культур (мучнистая роса пшеницы, бурая, стеблевая ржавчина пшеницы, пыльная головня пшеницы, овса и ячменя, твердая головня ячменя) для Новосибирской области. Разработка генетических моделей для изучения генов, контролирующих синтез лигнифицирующих ферментов у злаков. Использование чужеродных автономных репликонов для повышения устойчивости растений к фитопатогенам. Изучение структуры геномов растений: физическое картирование генов многоцветковости у злаков, нуклеотидные последовательности новых генов, контролирующих устойчивость к листовой ржавчине мягкой пшеницы, генов Hd, Hd2 и B2 для образцов видов *T*. aestivum и T. compactum с безостым и остистым колосом. Роль аллелей генов VRN в проявлении признаков зимостойкости, реакции на яровизацию. критерии совместимости отдаленных форм гороха. Генетические маркёры к генам устойчивости картофеля к ЗКН. Новые генотипы для НИР и селекционных программ: новая замещенная пшенично-пырейная линия (4Ag/4D) с повышенным содержанием антиоксидантных соединений в зерновке и комплексом других ценных свойств, новые замещенные и рекомбинантные линии с высоким содержанием клейковины в зерне. Новые сорта сельскохозяйственных растений, внедрение в практику: один сорт пшеницы мягкой яровой, среднеспелый; один сорт томата, один сорт гороха посевного, один сорт картофеля. Агротехнологии оригинальных сортов. Оптимизация агротехнологий мискантуса. Оригинальные семена 22 сортов полевых культур, 25 тысяч микроклубней оздоровленного картофеля, 10–12 тонн посадочного материала картофеля супер-суперэлита, посадочный материал оригинальных сортов овощных культур (20–25 сортов).

2019 год: Экспериментальные генетические коллекции растений: коллекция пополнена не менее 70 новыми образцами, выявлено не менее 20 перспективных образцов полевых и овощных культур, SNP-паспорта не менее 150 образцов гибридов мягкой пшеницы. Гибриды искусственных амфиплоидов злаков. Каталог луковых растений. Электронная база данных по образцам овса ярового с результатами полевых оценок, каталог доноров ценных признаков овса. Определен расовый состав основных возбудителей заболеваний сельскохозяйственных растений в Новосибирской области. Разработка генетических моделей для изучения генов, контролирующих: устойчивость к стеблевой ржавчине у пшениц сибирских сортов, морфогенез листа у злаков, механическую прочность стебля, стабильность геномов у гибридов злаков,

репродуктивную изоляцию дикорастущих форм Pisum sativum Южной Европы от культурного гороха, причины элиминации чужеродных хромосом при интрогрессии в геном пшеницы. Изучение структуры геномов и транскриптомов растений: Структура генов Alm и Blp ячменя, контролирующих пигментацию колоса. Предсказание новых белков растений, участвующих в контроле стрессового ответа на абиотические стрессы (засуха, холод). Новые генотипы для НИР и селекционных программ: паспорта коллекционных линий и сортов пшеницы по генам устойчивости к листовой ржавчине. Характеристики интрогрессивных линий пшеницы с чужеродными генами качества зерна. Характеристики новых озимых пшенично-ржаных 5R(5A) замещенных и транслоцированных линий по озимым сортам пшеницы и ржи. Перспективные яровые и озимые линии пшеницы для Сибирского региона, устойчивые к грибным заболевания. Новые сорта сельскохозяйственных растений, внедрение в практику: 4 сорта: пшеница мягкая озимая – 1, перец сладкий – 1, огурец – 1, чеснок яровой – 1. Агротехнологии оригинальных сортов. Оригинальные семена 22 сортов полевых культур, 25 тысяч микроклубней оздоровленного картофеля, 10–12 тонн посадочного материала картофеля супер-суперэлита, посадочный материал оригинальных сортов овощных культур (20–25 сортов).

2020 год: Экспериментальные генетические коллекции растений: коллекция пополнена не менее 70 новыми образцами, выявлено не менее 20 перспективных образцов полевых и овощных культур, паспорта не менее 50 образцов мягкой пшеницы по запасным белкам эндосперма. Каталог тыквенных растений. Каталог доноров ценных признаков овощных культур. Электронная БД образцов гороха посевного с результатами их полевых оценок в условиях Западной Сибири. Определен расовый состав популяций возбудителей основных заболеваний сельскохозяйственных культур. Разработка генетических моделей для изучения генов, контролирующих: устойчивость к листовой и стеблевой ржавчине; влияющих на спаривание гомеологичных хромосом и на проявление гибридного некроза у гибридов мягкой пшеницы. Изучение структуры геномов и транскриптомов растений: данные об особенностях межгеномных замещений и образовании транслокаций в генотипической среде мягкой пшеницы с участием других видов злаков. Изучен транскриптом хромосомы 5B и дана оценка его вклада в формирование фенотипа и развитие мягкой пшеницы. Новые генотипы для НИР и селекционных программ: получение скороспелых и среднеспелых форм пшеницы с транслоцированной хромосомой пырея 6Ai. Будет выявлен ряд новых диагностических маркёров для селекционно значимых локусов ячменя, с помощью которых будут отобраны линии и гибриды для включения в селекционные программы. Фертильность и цитогенетическая стабильность у самоопыленных потомков гаметоклонов интрогрессивных линий мягкой пшеницы. Будут получены инбредные линии гороха, несущие аллели генов субъединиц ацетил-коА-карбоксилазы дикого и культурного гороха, и проведена оценка наличия у них хромосомных перестроек. Новые сорта сельскохозяйственных растений, внедрение в практику: создано 5 сортов: пшеница мягкая яровая – 1, вика посевная яровая – 1, картофель – 1, лук шалот – 1, рожь озимая – 1. Оригинальные семена: Р-2 – 400–450 тонн, Р-1 – 75–90 тонн (25 сортов полевых культур), 25 тысяч микроклубней оздоровленного картофеля, 10–12 тонн посадочного материала картофеля супер-суперэлита, 1,5–2 тонны посадочного материала луковых культур, 2–3 килограмма оригинальных семян пасленовых, тыквенных, зеленых культур (20–25 сортов).

Мероприятие 2: Исследовательский проект «Молекулярная генетика и клеточная биология».

Тема 2.1 «Молекулярная генетика»

План работы по теме 2.1 «Молекулярная генетика».

2016 год: разработка нового подхода к выявлению регуляторных SNPs,

связанных с развитием рака толстого кишечника, определение физико-химических характеристик влияния SNPs в промоторах генов на взаимодействие TBP/TATA. Анализ изменений транскриптома фронтальной коры головного мозга мышей при воздействии социального стресса и транскриптома сетчатки крыс OXYS в ходе развития ретинопатии. Выяснение связи репарации дезоксирибонуклеиновая кислота (далее – ДНК) и изменчивости генома, возникающей в результате ошибок репарации, с механизмами развития нейропатологий. Поиск подходов к идентификации рецепторов двуцепочечной ДНК, изучение ее противоопухолевых эффектов *in vivo*. Изготовление геносенсоров на основе промоторов стрессовых генов emrR и copA и изучение их дозо-зависимой реакции на терагерцовое излучения.

2017 год: исследование полногеномного распределения меток активного хроматина (ChIP-seq) в клинических образцах колоректального рака. Изучение влияния SNPs в TATA-боксах промоторов генов на уровень транскрипции. Анализ взаимодействий транскрипционных факторов в ходе развития *D. melanogaster*. Изучение влияние ранних постнатальных стрессирующих воздействий на паттерны гистоновых меток в головном мозге. Выявление метаболических путей, изменения которых предшествуют развитию нейродегенеративных изменений в мозге, оценка связи развития нейродегенеративных процессов с дисфункцией митохондрий. Поиск подходов к уничтожению стволовых раковых клеток в организме экспериментальных животных. Изучение протеомного ответа клеток *E. coli* на терагерцовое излучение.

2018 год: генотипирование больных раком толстого кишечника по выявленным SNPs. Исследование на экспериментальных животных терапевтических эффектов адресных средств доставки химиопрепаратов на основе пептидов. Анализ *in silico* неаннотированных SNPs промоторов генов человека. Анализ взаимодействий транскрипционных факторов *D. melanogaster* в репортерной системе. Анализ сходства и различий изменения транскриптома сетчатки и коры мозга при развитии признаков болезни Альцгеймера и ретинопатии у крыс OXYS, поиск SNPs, связанных с развитием нейродегенеративных процессов в сетчатке и мозге. Изучение механизмов проникновения экзогенной ДНК в опухолевые клетки и механизмов отложенного протеомного ответа клеток E. coli на терагерцовое излучение.

2019 год: формирование панели регуляторных SNPs, связанных с онкопатологиями, экспериментальная верификация предсказанных SNPs промоторов, реконструкция генной сети взаимодействий транскрипционных факторов в ходе развития D. melanogaster, проверка связи развития признаков болезни Альцгеймера и ретинопатии с изменением экспрессии выявленных генов-кандидатов – оценка влияния на нее антиоксиданта SkQ1, тестирование противоопухолевого препарата Панаген, создание новых геносенсоров на основании результатов изучения как быстрого, так и отложенного протеомного ответа на терагерцовое излучение.

2020 год: реконструкция генных сетей, нарушения в которых являются общими и уникальными для разных типов рака, выбор мишеней для универсальной и специфичной для определенных онкопатологий терапии, создание базы данных таких мишеней; разработка панели эпигенетических маркёров чувствительности и нечувствительности к стрессу, поиск новых фармакологических препаратов, потенциально способных влиять на выявленные гены-мишени болезни Альцгеймера и ретинопатии.

Ожидаемые результаты по теме 2.1 «Молекулярная генетика»:

2016 год: будет разработан новый метод поиска регуляторных SNPs, связанных с колоректальным раком, и выяснены механизмы влияния SNPs в промоторах генов на взаимодействие TBP/TATA. Будут выявлены гены, определяющие реакцию головного мозга на социальный стресс, метаболические пути и дефекты системы репарации ДНК, связанные с развитием нейродегенеративных изменений. Будут получены новые

данные о противоопухолевых эффектах ДНК и о влиянии терагерцового излучения на транскрипцию.

2017 год: будут выявлены изменения профиля эпигенетических меток, связанные с рядом патологий, и новые молекулярные характеристики нейродегенеративных процессов, получены новые знания о стволовых инициирующих раковых клетках и определены параметры протеомного ответа на терагерцовое излучение.

2018 год: будут разработана панель маркёров-предикторов нейродегенеративных заболеваний и определены потенциальные молекулярные мишени профилактики болезни Альцгеймера и ретинопатии, изучены механизмы проникновения экзогенной ДНК в опухолевые клетки и выяснены механизмы пролонгированного влияния терагерцового излучения на протеом E. coli.

2019 год: будет сформирована библиотека регуляторных SNPs, связанных с онкопатологиями и нейропатологиями, и получены экспериментальные данные об их функциональности, получены новые данные по противоопухолевой активности препарата Панаген, разработаны новые геносенсоры для изучения эффектов терагерцового излучения.

2020 год: будет проведена реконструкция генных сетей, нарушения в которых связаны с развитием онко- и нейропатологий, а также генной сети ответа на терагерцовое излучение.

Тема 2.2 «Структурно-функциональная и пространственная организация эукариотической клетки»

Актуальность данной темы определяется постановкой и решением нескольких блоков важнейших задач современной биологии, таких как выяснение принципов и роли молекулярной и пространственной организации структурно-функциональных единиц в составе хромосом, описание молекулярного состава новых недавно возникших элементов кариотипа, определение механизмов формирования систем половых хромосом, выяснение молекулярного состава, пространственной организации и особенностей синапсиса, рекомбинации и сегрегации половых хромосом, находящихся на разных стадиях их становления – от возникновения до деградации. Результаты данного исследования позволят пролить свет на механизмы эволюции половых хромосом позвоночных. Они также могут быть полезны для выявления механизмов нарушений сегрегации половых хромосом, которые являются одной из главных причин дефектов развития у человека и сельскохозяйственных животных. Для решения стоящих в проекте задач будут использованы современные методы молекулярной цитогенетики и молекулярной биологии, методы трех- и четырехмерной микроскопии, метод Hi-C, позволяющий идентифицировать пространственно-сближенные участки ДНК при помощи массового параллельного секвенирования и реконструировать трехмерную организацию генома. Особое внимание будет уделено изучению контроля клеточного деления на уровне организации и динамики внутриклеточных структур. Отдельный блок будут представлять исследования, посвященные изучению взаимосвязи процессов репарации ДНК и изменчивости клеточного генома в результате ошибок репарации с возникновением аномалий в организации и функционировании клеток и тканей. Выяснение механизмов и особенностей протекания этих процессов необходимо для эффективной разработки новых методов молекулярной диагностики нейропатологических заболеваний на генном, протеомном и клеточном уровнях.

План работ по теме 2.2 «Структурно-функциональная и пространственная организация эукариотической клетки»:

2016 год: создание и секвенирование микродиссекционных ДНК-библиотек, элементов нестандартных элементов кариотипа. Анализ эволюции генома Macrostonum

lignano и близкородственных видов. Выявление особенностей организации и репликации ДНК теломер эукариот. Анализ рекомбинационных характеристик, спаривания и рекомбинации в псевдоаутосомных районах половых хромосом у позвоночных. Изучение дивергенции геномов у видов рода Chironomus. Анализ трехмерной структуры микроспороцитов табака при цитомиксисе. Изучение транскрипции ДНК млекопитающих в центре инактивации Х хромосомы. Получение и характеристика индуцированных плюрипотентных стволовых клеток (далее – ИПСК) норки.

2017 год: анализ организации малых сверхчисленных маркёрных хромосом человека. Исследование особенностей поведения половых хромосом в мейозе птиц и рептилий. Исследование геномов хирономид: выявление генов, кодирующих рибосомные белки. Анализ поведения хромосом табака при цитомиксисе. Инактивация Х-хромосомы при репрограммировании клеток млекопитающих. Роли клеточного деления при перепрограммировании стволовых клеток мыши. Исследование механизмов установление полярности яйцеклетки в процессе оогенеза дрозофилы.

2018 год: анализ признаков альтернативного удлинения теломер в диплоидных клетках млекопитающих. Изучение закономерностей эволюции генома хирономид (Diptera, Chironomidae). Проведение экспериментов по прижизненному изучению мейоза в интактных пыльниках табака с применением мультифотонной микроскопии. Исследование эпигенетических механизмов регуляции экспрессии генов млекопитающих. Механизмы формирования различных отделов ядерных поровых комплексов с участием комплекса нуклеопоринов.

2019 год: анализ В-хромосом в новых таксонах эукариот. Разработка методов управления рекомбинационным процессом у модельных и сельскохозяйственных животных. Сравнительный анализ дивергенции ядерных и митохондриальных маркёрных генов в сем. Chironomidae и сравнение данных молекулярного и кариологического анализа. Исследование процесса Х-инактивации при перепрограммировании в системе гибридных клеток. Молекулярно-цитогенетический анализ дифференцировки генеративных клеток в зрелые гаметы.

2020 год: анализ внутри- и межродовой дивергенции маркёрных ДНК у хирономид. Создание трансгенных растений табака, для прижизненной визуализации цитоскелета в мейозе и взаимодействие цитоскелета с мигрирующим ядром при цитомиксисе. Разработка новых методов молекулярно-цитогенетического анализа аномальных хромосом человека. Исследование динамики молекулярно-генетических и эпигенетических событий в центре инактивации Х-хромосомы на модели плюрипотентных стволовых клеток. Анализ взаимодействия соматических и генеративных клеток гонад у дрозофилы.

Ожидаемые результаты по теме 2.2 «Структурно-функциональная и пространственная организация эукариотической клетки»:

2016 год: выявление особенностей нестандартных элементов кариотипа. Описание закономерностей эволюции генома у видов Macrostonum. Описание организации и репликации ДНК теломер эукариот. Определение рекомбинационных характеристик, спаривания и рекомбинации в псевдоаутосомных районах половых хромосом у позвоночных. Описание дивергенции геномов у видов рода Chironomus. Выяснение пространственной организации микроспороцитов табака при цитомиксисе. Определение транскрипции ДНК млекопитающих в центре инактивации Х-хромосомы. Линия ИПСК норки.

2017 год: описание организации малых сверхчисленных маркёрных хромосом человека. Выявление особенностей поведения половых хромосом в мейозе птиц и рептилий. Сравнение геномов хирономид: выявление генов, кодирующих рибосомные белки. Выяснение особенностей поведения хромосом табака при цитомиксисе.

Детекция Х-хромосомы при репрограммировании клеток млекопитающих. Выяснение роли клеточного деления при перепрограммировании стволовых клеток. Определение механизмов установления полярности яйцеклетки в процессе оогенеза дрозофилы.

2018 год: выявление альтернативного удлинения теломер в клетках млекопитающих. Описание закономерностей эволюции генома хирономид (Diptera, Chironomidae). Прижизненное описание мейоза в интактных пыльниках табака. Выявление эпигенетических механизмов регуляции экспрессии генов млекопитающих. Описание механизмов формирования отделов ядерных поровых комплексов.

2019 год: выявление и описание В-хромосом в новых таксонах эукариот. Методы управления рекомбинационным процессом у модельных и сельскохозяйственных животных. Характеристика дивергенции ядерных и митохондриальных маркёрных генов в сем. Chironomidae. Описание Х-инактивации при перепрограммировании в системе гибридных клеток. Описание дифференцировки генеративных клеток в зрелые гаметы.

2020 год: описание внутри- и межродовой дивергенции маркёрных ДНК у хирономид. Трансгенные растения табака, пригодные для прижизненной визуализации цитоскелета в мейозе и взаимодействие цитоскелета с мигрирующим ядром при цитомиксисе. Новые методы молекулярно-цитогенетического анализа аномальных хромосом человека. Определение динамики молекулярно-генетических и эпигенетических событий в центре инактивации Х-хромосомы на модели плюрипотентных стволовых клеток. Выяснение взаимодействия соматических и генеративных клеток гонад у дрозофилы.

Тема 2.3 «Стволовые клетки в моделировании заболеваний человека и коррекции патологических состояний»

Данная тема включает изучение геномных и клеточных механизмов дифференцировки в развитии и при экспериментальном перепрограммировании, в ходе которого будут широко использованы стволовые и ИПСК, способные дифференцироваться в любые типы специализированных клеток и даже гаметы. Развитие этих работ требует разработки эффективных технологий управления процессами дифференцировки стволовых клеток, адресной модификации геномов с помощью CRISPR/Cas технологии. В ходе выполнения проекта по данной теме планируется создание и исследование клеточных моделей болезней моторных нейронов, создание клеточных моделей болезней экспансии тринуклеотидных повторов с применением новейших технологий геномной инженерии, использование индуцированных плюрипотентных стволовых клеток для создания моделей синдрома удлиненного интервала QT, разработка клеточных технологий для лечения ишемических повреждений сердца, разработка клеточных технологий для тканевой инженерии кровеносных сосудов и терапевтического ангиогенеза. В качестве экспериментальной модели коррекции одной из наследственных патологий будет проведена коррекция мутантного фенотипа крыс линии Brattleboro. С учетом сказанного выше, основной целью исследований, выполняемых в рамках настоящей темы, является создание и дальнейшее развитие технологий получения и использования ИПСК млекопитающих и разработка методов их направленной дифференцировки для решения как фундаментальных проблем биологии, так и прикладных задач, связанных с созданием новых типов модельных экспериментальных систем, имеющих огромное значение для развития экспериментальной базы изучения механизмов формирования наследственных патологий и создания эффективных способов их коррекции.

План работы по теме 2.3 «Стволовые клетки в моделировании заболеваний человека и коррекции патологических состояний».

2016 год: получение и характеристика ИПСК от носителей мутаций.

2017 год: изучение молекулярных механизмов развития болезней экспансии тринуклеотидных повторов. Редактирование генома ИПСК с различными мутациями.

2018 год: создание тест-систем для скринингов и токсикологических исследований новых лекарственных соединений на базе ИПСК.

2019 год: анализ мутаций у пациентов, страдающих различными наследственными заболеваниями. Исследование процессов регенерации с помощью введения эндотелиальных клеток на модели ишемии конечностей у мышей. Оптимизация методов введения клеток в пораженные органы для повышения выживаемости клеток при трансплантации. Исследование действия факторов, усиливающих регенеративные свойства эндотелиальных клеток и их предшественников.

2020 год: применение технологий редактирования генома, основанных на генетических конструкциях, экспрессирующих компоненты системы CRISPR/Cas9, для исправления мутаций в пациент-специфичных ИПСК. Исследование изменения паттерна экспрессии генов в эндотелиоцитах в ответ на действие факторов, усиливающих регенеративный потенциал клеток. Анализ сигнальных путей, связанных с регенерацией, предсказание факторов, играющих ключевую роль в запуске процессов регенерации в тканях.

Ожидаемые результаты по теме 2.3 «Стволовые клетки в моделировании заболеваний человека и коррекции патологических состояний»:

2016 год: коллекция культур ИПСК от носителей мутаций.

2017 год: выяснение молекулярных механизмов развития болезней экспансии тринуклеотидных повторов. Коллекция культур ИПСК с редактированным геномом.

2018 год: тест-системы для скрининга и токсикологических исследований новых лекарственных соединений на базе ИПСК.

2019 год: создание базы данных мутаций пациентов, страдающих различными наследственными заболеваниями. Выяснение молекулярно-генетических взаимодействий при регенерации с помощью введения эндотелиальных клеток на модели ишемии конечностей у мышей. Методы введения клеток в пораженные органы для повышения выживаемости клеток при трансплантации.

2020 год: пациент-специфичные ИПСК с исправленными мутациями. Определение изменений паттерна экспрессии генов в эндотелиоцитах в ответ на действие факторов, усиливающих регенеративный потенциал клеток. Выяснение сигнальных путей, связанных с регенерацией, предсказание факторов, играющих ключевую роль в запуске процессов регенерации в тканях.

Мероприятие 3: Исследовательский проект «Генетические основы биотехнологий и биоинформатика»

Тема 3.1 «Молекулярные биотехнологии»

Цель проекта – разработка генетических основ новых биотехнологических процессов переработки возобновляемого растительного сырья на основе новых штаммов генетически модифицированных микроорганизмов с целевыми свойствами, обеспечивающих высокую эффективность конверсии биомассы в конечные целевые продукты с высокой добавочной стоимостью.

Актуальность. На ближайшие десятилетия развитие экономики России критическим образом будет зависеть от замещения традиционного индустриального уклада производствами нового поколения, основанными на биотехнологиях, что обеспечит радикальное снижение себестоимости продукции, уменьшение индустриальной нагрузки на окружающую среду, введение в производственные процессы новых источников возобновляемого сырья и перепрофилирование на новые виды продукции. Наблюдающееся в настоящее время отставание Российской Федерации от развитых стран по масштабам биотехнологической революции

приобрело катастрофический характер. Для ликвидации этого отставания и перехода к опережающему развитию необходима радикальная интенсификация исследований и разработок в области биотехнологии.

С учетом огромных объемов растительной биомассы, ежегодно продуцируемой на территории Российской Федерации, одной из самых актуальных задач является разработка эффективных технологий ее переработки в ценные целевые продукты. Для обеспечения конкурентоспособности создаваемых технологий, они должны быть основаны на использовании самых современных подходов к конструированию штаммов, перерабатывающих растительную биомассу. К их числу относятся новые методы генной инженерии, прецизионного редактирования созданных природой геномов микроорганизмов; методы синтетической биологии, обеспечивающие синтез de novo протяженных фрагментов геномной ДНК, и методы системной компьютерной биологии для оптимизации выхода целевых продуктов.

Задачи: разработка методов анализа состава природных сообществ микроорганизмов при помощи методов метагеномики и их идентификации на основе масс-спектрометрических характеристик; отбор наиболее перспективных для биотехнологических приложений штаммов микроорганизмов; изучение этих штаммов методами геномики, протеомики и метаболомики с последующим глубоким биоинформатическим анализом с целью определения процессов, требующих оптимизации для повышения выхода целевых продуктов; *in silico* планирование экспериментов по генно-инженерной реорганизации геномов, синтеза фрагментов геномной ДНК de novo, глубокой реконструкции и комбинирования фрагментов геномов различных организмов; создание новых биотехнологически значимых штаммов микроорганизмов и/или эукариотических клеток-продуцентов на основе целенаправленной модификации их геномов; изучение технологических свойств продуцентов, оптимизация на основе математического моделирования процессов их культивирования с точки зрения получения максимальных выходов целевого продукта; проверка биобезопасности созданных продуцентов и технологий; тиражирование новых биотехнологий переработки возобновляемого растительного сырья в ценные продукты с высокой добавленной стоимостью.

План работы по базовому сценарию 3.1 «Молекулярные биотехнологии».

2016 год: (1) пополнение созданной в ИЦиГ СО РАН коллекции микроорганизмов из экстремальных экосистем на территории Российской Федерации, разработка подходов к биотипированию (идентификации и классификации) микроорганизмов на основе методов современной геномики и масс-спектрометрического анализа, (2) биотипирование коллекции экстремальных микроорганизмов методами геномики и протеомики и создание на этой основе базы данных для идентификации штаммов; выбор биологически безопасных штаммов; (3) разработка методов определения целевых продуктов микробиологического синтеза (белков и метаболитов), нарабатываемых микроорганизмами, включая их идентификацию методами масс-спектрометрии, (4) фенотипическая, физиологическая и филогенетическая характеристика перспективных в биотехнологическом отношении штаммов; оценка их способности к синтезу целевых метаболитов; (5) секвенирование и аннотирование геномов отобранных штаммов.

2017 год: (1) получение из растительной биомассы субстратов для биотехнологической конверсии, в том числе путем механохимической предобработки биомассы; подготовка субстратов для ферментативного гидролиза; (2) выделение микроорганизмов и накопительных культур, способных к гидролизу предобработанной биомассы; (3) исследование физиологических свойств перспективных штаммов по их способности к росту на целевых субстратах, включая биомассу мискантуса сорта Сорановский; (4) секвенирование геномов и метагеномов биотехнологически

перспективных штаммов и перспективных микробных сообществ; (5) биоинформатический анализ полученных данных; (6) анализ протеомных характеристик перспективных штаммов по таким целевым показателям, как способность конверсии субстратов в целевые продукты (в частности, способность конвертации глюкозы и олиго сахаров в молочную кислоту); (7) создание базы знаний, содержащей информацию по перспективным штаммам микроорганизмов (с описанием функционально-значимых генов, промоторов, генных сетей, метаболических путей, генетических механизмов их регуляции); (8) целевое клонирование элементов бактериальных геномов, перспективных для повышения эффективности конверсии биомассы.

2018 год: (1) оценка потенциальной способности отобранных штаммов к целевой модификации метаболических путей (на основе методов компьютерного моделирования); (2) изучение системы рестрикции/модификации природных микроорганизмов для отбора микроорганизмов, пригодных для модификации; (3) сужение круга перспективных штаммов по возможности к направленной модификации их геномов; (4) компьютерный дизайн модификации геномов перспективных штаммов для повышения выхода целевых продуктов (молочной кислоты, 1,3-пропандиола, этанола, бутанола) и/или целевых ферментов (например, гликозидазы для гидролиза полисахаридов).

2019 год: (1) генно-инженерная модификация геномов отобранных штаммов для повышения выхода целевых продуктов; (2) адаптация созданных штаммов к субстратам из растительной биомассы; (3) оптимизация механико-химической предобработки и прегидролиза растительной биомассы; (4) создание консорциумов микроорганизмов, использующих для своего роста пента- и олигосахара биомассы мискантуса; (5) создание экспериментально-компьютерной платформы для идентификации микроорганизмов на основе сравнения их протеомных характеристик с базой масс-спектрометрических данных; (7) разработка методов культивирования созданных штаммов в условиях биореактора.

2020 год: (1) проверка биобезопасности рекомбинантных штаммов; (2) дополнительная генетическая модификация штаммов-продуцентов для смещения оптимума культивирования в направлении более высокой температуры (переход из мезо- в термофильное состояние) с целью повышения выхода целевых продуктов и устойчивости к контаминациям; (3) стабилизация структуры геномов штаммов-суперпродуцентов по отношению к рекомбинационным процессам, проходящим, преимущественно, по различным типам повторов и ведущим к элиминации встроенного генетического материала; (4) анализ культуральных жидкостей отобранных штаммов на содержание целевых метаболитов и белков; (5) идентификация целевых продуктов (метаболитов и белков), в том числе методами современной масс-спектрометрии; (6) получение опытных образцов штаммов-продуцентов целевых продуктов; (7) анализ технологических перспектив выделенных штаммов, оценка их коммерческого потенциала.

Ожидаемые результаты по теме 3.1 ««Молекулярные биотехнологии»:

2016 год: (1) расширенная коллекция микроорганизмов ИЦиГ СО РАН, (2) новая база белковых профилей для биотипирования микроорганизмом группы Bacillus, (3) определение видовой принадлежности штаммов, (4) методы определения целевых белков и метаболитов, нарабатываемых природными штаммами микроорганизмов, (5) фенотипические, физиологические и филогенетические характеристики природных штаммов микроорганизмов с целью выявления перспективных для биотехнологических приложений, (6) секвенирование, сборка и аннотирование геномов перспективных штаммов.

2017 год: (1) перспективные штаммы, способные утилизировать биомассу мискантуса или субстраты на ее основе; (2) параметры роста отдельных штаммов микроорганизмов на субстратах из биомассы мискантуса; (3) секвенированные геномы и мета-геномы перспективных штаммов и перспективных микробных сообществ; (4) протеомные профили экспрессии генов, задействованных в утилизации субстратов из биомассы мискантуса; (4) база знаний геномных и протеомных характеристик перспективных штаммов микроорганизмов; (5) клонированные элементы бактериальных геномов, задействованных в конверсии биомассы.

2018 год: (1) оценка способности штаммов к модификации метаболических путей, задействованных на конверсию органических субстратов из биомассы мискантуса, основанные на компьютерном моделирования; (2) знания о системе рестрикции/модификации природных микроорганизмов, отбор наиболее легко модифицируемых штаммов; (3) компьютерный дизайн модификации геномов перспективных штаммов для повышения выхода целевых продуктов (молочной кислоты, 1,3-пропандиола, этанола, бутанола) и целевых ферментов (например, гликозидазы для гидролиза полисахаридов).

2019 год: (1) штаммы с генетически модифицированными геномами, обеспечивающие повышение выхода (молочной кислоты, 1,3-пропандиола, этанола, бутанола) и целевых ферментов при культивировании на органических субстратах из мискантуса; (2) методы получения органических субстратов из мискантуса путем механико-химической предобработки и прегидролиза растительной биомассы; (3) кинетические параметры роста генетически модифицированных штаммов на субстратах из растительной биомассы; (4) методы культивирования созданных штаммов в условиях биореактора; (6) экспериментально-компьютерная система для идентификации микроорганизм на основе их протеомных характеристик.

2020 год: (1) рекомбинантные штаммы, отобранные по критерию биобезопасности, (2) геномы штаммов-суперпродуцентов, устойчивые по отношению к рекомбинационным процессам, проходящим, преимущественно, по различным типам повторов, и ведущим к элиминации встроенного генетического материала; (3) методы современной масс-спектрометрии для идентификации целевых продуктов (метаболитов и белков) в культуральных жидкостях; (4) опытные образцы штаммов-продуцентов целевых продуктов и белков; (5) оценки технологических перспектив и коммерческого потенциала созданных штаммов.

Тема 3.2 «Биоинформатика и компьютерная системная биология»

Цель исследований: создание информационно-компьютерных технологий нового поколения на основе суперкомпьютерных вычислений для изучения иерархических уровней структурно-функциональной организации молекулярно-генетических систем: геномного, транскриптомного, протеомного, метаболомного, клеточного, организменного и популяционного, и применение этих подходов к решению задач генетики и селекции микроорганизмов, растений и животных; задач генетики человека, биотехнологии, биомедицины и фармакологии.

Актуальность. Интерпретация огромных объемов экспериментальных данных, которые планируется получить в процессе выполнения запланированных, невозможна без современных информационных технологий, эффективных методов компьютерного анализа данных и математического моделирования биологических систем и процессов на различных иерархических уровнях организации живых систем, начиная с генов, генных сетей, геномов, белков, метаболических путей, включая клетки и ткани и заканчивая целостными организмами. Это и обуславливает необходимость широкомасштабных исследований по биоинформатике и системной компьютерной биологии. Исследования будут осуществляться по таким направлениям, как: (а) компьютерная геномика и транскриптомика; (б) компьютерная протеомика и

метаболомика; (в) реконструкция и анализ компьютерных моделей биологических систем; (г) сравнительная и эволюционная компьютерная биология; (д) информационно-компьютерные платформы для поддержки экспериментальных исследований в области селекции и генетики животных и растений, микроорганизмов и молекулярных биотехнологий. Особое значение в науках о жизни приобретает разработка и использование проблемно ориентированных компьютерных платформ для биоинформационной поддержки экспериментальных исследований в таких высокотехнологичных областях современной биологии, как геномика, транскриптомика, протеомика, молекулярная и клеточная биология, биотехнология, генетика и селекция животных, растений, микроорганизмов, биомедицина и фармакология. Эти платформы обеспечат анализ и интерпретацию экспериментальных данных высокопроизводительных исследований, генерацию новых знаний, планирование экспериментов для разработки генетических технологий.

Краткая характеристика основных направлений работ по теме 3.2 «Биоинформатика и компьютерная системная биология» включает два возможных сценария – базовый (представленный ниже) и перспективный (с расчетом на привлечение дополнительного целевого финансирования), описанный в «Пояснительной записке» в разделах 3.3–3.5. Базовый сценарий выполняется научными подразделениями Отдела системной биологии (Лаборатория компьютерной протеомики, Лаборатория молекулярно-генетических систем, Сектор системной биологии морфогенеза растений, Сектор компьютерного анализа и моделирования биологических систем, ЦКП «Биоинформатика»), Лабораторией рекомбинационного и сегрегационного анализа в сотрудничестве с экспериментальными подразделениями ИЦиГ СО РАН. Фундаментальные исследования направлены на выявление особенностей структурной организации, механизмов функционирования и эволюции молекулярно-генетических систем на различных уровнях их организации (молекулярном, клеточном, организменном и популяционном) на основе реконструкции сетей молекулярных взаимодействий (генных, метаболических, белок-белковых и т. п.) для человека, животных, растений и микроорганизмов. В рамках фундаментально-ориентированных исследований будет разрабатываться информационно-компьютерная платформа «Биоинформатика и компьютерная системная биология» для поддержки экспериментальных исследований. В рамках прикладных исследований будет выполняться работа по компьютерному анализу экспериментальных данных, получаемых подразделениями ИЦиГ СО РАН в процессе выполнения экспериментальных работ в рамках Программы развития.

План работ по базовому сценарию по теме 3.2 «Биоинформатика и компьютерная системная биология».

2016 год: Исследование взаимосвязи организации хроматина и регуляторных районов генов и сайтов связывания нуклеосом; изучение эволюционных механизмов оптимизации трансляции и мобильных элементов (далее – МГЭ); реконструкция, анализ и моделирование генных сетей, многоклеточных организмов; анализ белок-белковых взаимодействий; моделирование организации и эволюции иерархически организованных биологических систем на основе на основе агентного моделирования; моделирование морфогенеза растений с учетом биомеханических свойств клеток; поиск маркёров SNP для нервных расстройств. Разработка программного обеспечения для анализа данных высокопроизводительного секвенирования ДНК; разработка алгоритмов и программного обеспечения (далее – ПО) для сборки геномов эукариот, распознавания сайтов связывания транскрипционных факторов (далее – ССТФ), компьютерной метаболомики, автоматического извлечения знаний из научных текстов. Разработка вычислительных конвейеров для компьютерного анализа филогенетических отношений в белковых семействах; разработка пакета программ, реализующего методы

регионального анализа ассоциаций количественных признаков в структурированных выборках. Компьютерная обработка данных высокопроизводительных экспериментов (сборка геномов, оценка уровня экспрессии генов у животных и растений, исследование которых проводится в рамках Программы развития).

2017 год: Изучение МГЭ в геномах многоклеточных организмов, компьютерный анализ полногеномных данных по хроматину и регуляции экспрессии генов; анализ транскриптомов для выявления дифференциальной экспрессии генов, оценки уровня экспрессии генов по данным RNA-seq; анализ режимов молекулярной эволюции (в том числе в процессе адаптации организмов к экстремальным условиям среды) генных и белковых семейств и влияния генетической изменчивости на генные сети человека, животных, растений и микроорганизмов; изучение закономерностей эволюции сообществ и популяций микроорганизмов на основе агентного моделирования. Полногеномный анализ, ориентированный на выявление локусов (QTL), ассоциированных с хозяйственно-ценными признаками растений. Разработка методов компьютерного моделирования сложных молекулярно-генетических систем и метаболических путей; разработка методов и ПО для: конвейерного автоматического извлечения знаний из баз данных и научных текстов Разработка компьютерных технологий реконструкции генных сетей и молекулярно-генетических систем человека, животных, растений и микроорганизмов, основанных на технологиях искусственного интеллекта и автоматическом извлечении фактов и знаний из текстов научных публикаций, интернет-доступных баз данных, а также экспериментальных результатов высокопроизводительных установок геномики, транскриптомики, протеомики, метаболомики, микроскопии, молекулярной и клеточной биологии. Разработка методов анализа ассоциаций многомерных признаков на основе построения многомерных моделей и мета-анализа результатов одномерных исследований. Компьютерная обработка данных высокопроизводительных экспериментов (аннотация геномов для организмов, изучаемых в рамках Программы развития).

2018 год: Исследование взаимосвязи между режимами эволюции и функциями генов и белков, анализ влияния обратных связей на эволюции гаплоидных и диплоидных организмов; исследование регуляторных сигналов трансляции мРНК; поиск комплексов геномных, протеомных и метаболомных маркёров различных биохимических процессов. Компьютерный анализ структурно-функциональной организации, генетической и эпигенетической регуляции генов, в том числе на основе обработки и интерпретации результатов новейших технологий высокопроизводительного параллельного секвенирования, применяемых для исследований в области регуломики и транскриптомики; анализ структурно-функциональной организации и эволюции регуляторных районов генов, механизмов регуляции экспрессии генов с учетом эпигенетических факторов и 3D упаковки хроматина. Компьютерное моделирование дифференцировки клеток, морфогенеза тканей и органов растений на примере корней и листьев на основе моделирования процессов передачи сигнала и биомеханических свойств тканей. Компьютерное моделирование метаболических путей микроорганизмов (бактерий и дрожжей) с учетом молекулярно-генетических механизмов их регуляции для создания штаммов – продуцентов целевых метаболитов и белков. Разработка методов, моделей и ПО для: суперкомпьютерного анализа интегрированных полногеномных данных; компьютерной платформы для изучения морфогенеза растений; анализа динамики генных сетей у организмов-суперпродуцентов и оптимизации выхода продуктов метаболизма; оценки влияния мутаций на структуру и функцию регуляторных районов генов и белков. Создание интегрированных баз данных и знаний, содержащих информацию по структуре геномов, генов и их регуляторных районов (промоторах, сайтах связывания транскрипционных факторов, других типах регуляторных элементов) человека,

животных, растений и микроорганизмов; создание компьютерных баз данных по структурно-функциональной организации белков; разработка методов предсказания функциональных сайтов (активных центров) в пространственной структуре белков, компьютерное предсказание влияния мутаций на структуру белков и их функциональную активность, моделирование и анализ взаимодействий «белок – лиганд». Разработка методов компьютерного анализа и моделирования эволюции генных сетей, метаболических путей, путей передачи сигналов, на основе сравнительного анализа функционирующих в их составе генов рибонуклеиновая кислота (далее – РНК) и белков, имитационного моделирования процесса фиксации нуклеотидных и аминокислотных замен при различных режимах отбора. Компьютерная поддержка и сопровождение экспериментальных исследований: компьютерная обработка данных высокопроизводительных экспериментов.

2019 год: Анализ и математическое моделирование процессов молекулярной эволюции, изучение фундаментальных закономерностей молекулярной эволюции и ко-эволюции генов и белков в составе генных сетей (в том числе в процессе адаптации организмов к экстремальным условиям). Реконструкция биотехнологически и биомедицински важных генных сетей на основе результатов предсказания генов-мишеней транскрипционных факторов; разработка методов приоритизации генов; компьютерный анализ структурно-функциональной организации и эволюции белков и протеомов организмов, включая построение моделей взаимосвязей «структура – функция» и «структура–активность», моделирование белок – лиганд взаимодействий и молекулярной динамики биологических макромолекул. реконструкция филогенетических отношений в семействах генов растений, участвующих в процессах роста тканей; анализ эволюции транспозонов, генов регенерации у плоских червей. Разработка: эффективных алгоритмов, методов и ПО для: быстрого картирования ридов на референсный геном и сравнения геномных сборок; моделирования трехмерной упаковки молекул ДНК; анализа регуляторных районов и распознавания сайтов связывания транскрипционных факторов, регулирующих работу биотехнологически и биомедицински значимых генных сетей; идентификации адаптивной эволюции белков с учетом структурных характеристик аминокислот и ее верификации на основе оценок эффективной численности популяций. Создание базы данных ProMeDiA (Промедиа), содержащей фреймовые модели, описывающие взаимосвязь метаболических и молекулярно-генетических процессов с метаболическими маркерами заболеваний человека. Компьютерная обработка данных высокопроизводительных экспериментов по геномике.

2020 год: Разработка математических и компьютерных подходов к in silico дизайну искусственных генетических конструкции с заданными динамическими свойствами. Реконструкция генных сетей социально значимых заболеваний человека. Компьютерный поиск перспективных фармакологических мишеней для лечения социально значимых заболеваний и компьютерный дизайн химических соединений – прототипов лекарств. Интеграция алгоритмов и ПО для анализа структуры генома, предсказания регуляторных участков генов, предсказания функций генов; разработка технологии интеграции для реконструкции структурно-функциональной организации и моделирования живых систем на различных уровнях их организации; разработка методов и ПО для прогноза влияния генетической модификации метаболических сетей у бактерий на синтез метаболитов; разработка технологий получения фенотипических данных в полевых условиях при помощи беспилотных летательных аппаратов; разработка методов интегрированного анализа адаптивной эволюции генов и белков на основе физико-химических свойств аминокислот и структурных характеристик белков. Компьютерная поддержка и сопровождение экспериментальных исследований.

Ожидаемые результаты по теме 3.2 «Биоинформатика и компьютерная системная биология»:

2016 год: Модели организации хроматина и регуляторных районов генов и сайтов связывания нуклеосом; эволюционные механизмы оптимизации трансляции и мобильных элементов (МГЭ); структурные модели генных сетей, многоклеточных организмов; закономерности организации и эволюции иерархически организованных биологических систем; закономерности морфогенеза растений с учетом биомеханических свойств клеток; маркёры SNP для нервных расстройств. Особенности молекулярных механизмов морфогенеза органов растений на примере корней и листьев. Алгоритмы и ПО для сборки геномов эукариот, распознавания сайтов связывания транскрипционных факторов (ССТФ), компьютерной метаболомики, автоматического извлечения знаний из научных текстов; базы данных, содержащих описание характеристик биохимических реакций в клетках, элементарных (базовых) генных сетей; база данных по генетическим коллекциям растений; вычислительные конвейеры для компьютерного анализа филогенетических отношений в белковых семействах; программы, реализующие методы регионального анализа ассоциаций количественных признаков в структурированных выборках. Результаты компьютерной обработки данных высокопроизводительных экспериментов (сборки геномов, оценки уровня экспрессии генов у животных и растений, исследование которых проводится в рамках Программы развития).

2017 год: Фундаментальные закономерности структуры и функций МГЭ в геномах многоклеточных организмов, характеристики режимов молекулярной эволюции генных и белковых семейств и закономерности влияния генетической изменчивости на генные сети человека, животных, растений и микроорганизмов, теоретические модели взаимосвязи хроматина и регуляции экспрессии генов. ПО для структурно-функциональной аннотации геномов эукариот, оценки уровня экспрессии генов по данным RNA-seq, конвейерного автоматического извлечения знаний из баз данных и научных текстов, анализа ассоциаций для объединения разнородных данных, поиска метаболомных маркёров, предсказания внутриклеточной локализации белков по их первичным структурам, методов интеграции структуры элементарных сетей и реакций в общую ГС, идентификации режима эволюции генов, оценки геномных вариаций. Методы анализа ассоциаций многомерных признаков на основе построения многомерных моделей и мета-анализа результатов одномерных исследований. Результаты компьютерной обработки данных высокопроизводительных экспериментов (аннотации геномов для организмов, изучаемых в рамках Программы развития).

2018 год: Особенности взаимосвязи между режимами эволюции и функциями генов и белков, закономерности влияния обратных связей на эволюции гаплоидных и диплоидных организмов, фундаментальные характеристики регуляторных сигналов трансляции матричная рибонуклеиновая кислота (далее – мРНК), комплексы геномных, протеомных и метаболомных маркёров различных биохимических процессов. Компьютерные модели динамики функционирования молекулярно-генетических систем и генных сетей фундаментальных биологических процессов человека, животных, растений и микроорганизмов. Методы и ПО для анализа данных ChIP-seq и ДНК-микрочипов, для суперкомпьютерного анализа интегрированных полногеномных данных, для компьютерной платформы для изучения морфогенеза растений, для анализа динамики генных сетей у организмов-суперпродуцентов и оптимизации выхода продуктов метаболизма, для оценки влияния мутаций на структуру и функцию регуляторных районов генов и белков. База знаний генных сетей человека, животных, растений и микроорганизмов. Модели тканей растений в 2D и 3D приближении. Результаты компьютерной обработки данных высокопроизводительных экспериментов

(описание геномных вариаций для организмов, изучаемых в рамках Программы развития).

2019 год: Структуры биотехнологически и биомедицински важных генных сетей с учетом предсказания генов-мишеней транскрипционных факторов, списки приоритизированных генов, закономерности филогенетических отношений в семействах генов растений, участвующих в процессах роста тканей, закономерности эволюции транспозонов, генов регенерации у плоских червей. Базовые принципы структурной организации генных сетей и метаболических путей. Фундаментальные закономерности эволюции сообществ и популяций микроорганизмов. Алгоритмы и ПО для быстрого картирования ридов на референсный геном и сравнения геномных сборок, а также моделирования трехмерной упаковки молекул ДНК; методы анализа регуляторных районов и распознавания сайтов связывания транскрипционных факторов, регулирующих работу биотехнологически- и биомедицински-значимых генных сетей на основе CHiP-Seq и конформационных параметров ДНК; высокопроизводительные методы анализа структуры и функции активных сайтов белков; технологии автоматического извлечения научных знаний из текстов патентов; методы и ПО для анализа метаболических сетей у бактерий; методы идентификации адаптивной эволюции белков с учетом структурных характеристик аминокислот и ее верификации на основе оценок эффективной численности популяций. Вычислительные конвейеры для сборки и аннотации геномных последовательностей, автоматического извлечения знаний из текстов научных публикаций. Результаты компьютерной обработки данных высокопроизводительных экспериментов: интегрированные данные, полученные на предыдущих этапах анализа геномов для организмов, изучаемых в рамках Программы развития.

2020 год: Математические и компьютерные подходы к in silico дизайну искусственных генетических конструкции с заданными динамическими свойствами; фундаментальные закономерности молекулярных механизмов патологических процессов на уровне нарушений структурно-функциональной организации белков. Новые знания и модели структурно-функциональной организации и эволюции живых систем: регуляторных районов генов, механизмов влияния эпигенетических факторов и 3D упаковки хроматина на экспрессию генов. Фундаментальные закономерности молекулярной эволюции генов в составе генных сетей, а также эволюции генных сетей в целом. Интегрированные алгоритмы и ПО для анализа структуры генома, предсказания регуляторных участков генов, предсказания функций генов; технология интеграции для реконструкции структурно-функциональной организации и моделирования живых систем на различных уровнях их организации; методы и ПО для прогноза влияния генетической модификации метаболических сетей у бактерий на синтез метаболитов; технологии получения фенотипических данных в полевых условиях при помощи беспилотных летательных аппаратов; методы интегрированного анализа адаптивной эволюции генов и белков на основе физико-химических свойств аминокислот и структурных характеристик белков. Результаты компьютерной обработки данных высокопроизводительных экспериментов.

Мероприятие 4: Исследовательский проект «Генетика человека и животных»

Реализация в последнее десятилетие крупномасштабных программ по расшифровке разнообразия геномов человека, а также геномов основных видов лабораторных и сельскохозяйственных животных задала в мировой науке новый вектор исследовательского процесса, в основе которого лежит теснейшая интеграция таких ранее автономных областей, как генетика человека и генетика животных, нейробиология, физиология, биомедицина и фармакология.

Благодаря новым молекулярно-биологическим подходам (CRIPR/CAS9) и методам клеточной биологии, появилась возможность направленного изменения

геномов лабораторных животных и создания на этой основе огромного разнообразия линий лабораторных животных, генетических моделей социально значимых заболеваний человека. На этой основе возникли новые подходы к изучению молекулярно-генетических механизмов формирования социально значимых патологий и поиску новых подходов к их терапии и профилактике.

О масштабах этих работ свидетельствует тот факт, что только в одной Японии годовое потребление генетически модифицированных мышей составляет более 150 миллионов особей. Причиной растущего спроса на генетические модели патологий является понимание важнейшего вклада генетической изменчивости в их развитие. При этом для создания генетических моделей используется информация об огромном количестве полиморфизмов, выявленных методами сравнительной геномики, ассоциированных с олигогенными и мультифакториальными заболеваниями, в том числе, формирующимся в результате сочетания таких факторов, как этнические особенности генотипа человека, характер питания, климатические, экологические условия и техногенные факторы среды.

Исследования в рамках ИП1 «Генетика человека и животных» будут проводиться в рамках двух взаимосвязанных тем: 4.1 «Генетика человека» и 4.2 «Генетика и селекция животных». В работах по первой теме (4.1) будут изучены ассоциации генетических полиморфизмов и заболеваний человека, а также создана информационная база для развития персонализированной медицины, которая может стать по настоящему эффективной только при расшифровке генетических механизмов, лежащих в основе развития той или иной патологии. Также будет исследована генетическая и эпигенетическая изменчивость современного и древнего населения Северной Азии. Полученные материалы подкрепят объективными биологическими фактами исторические реконструкции этногенеза и расселения наших предков по северо-восточным регионам Российской Федерации и сопредельным территориям.

Главной целью исследований в рамках темы 4.2 «Генетика и селекция животных» является получение фундаментальных знаний о механизмах генетического контроля программ индивидуального развития, процессов патогенеза изучаемых заболеваний и процессов адаптивных морфофункциональных преобразований, что создает основы для поиска и испытания новых средств диагностики, профилактики и лечения болезней. В рамках этих работ исключительное значение имеют коллекции генетических линий животных разной таксономической принадлежности, моделирующие заболевания человека или ключевые патогенетические процессы их развития.

Создание коллекций генетических линий крыс, мышей, зебровых рыбок и дрозофил будет осуществляться в работах по направлению 4.2.1 «Лабораторные животные – генетические модели патологий человека». Полученное в итоге генетическое разнообразие лабораторных животных создаст материальную основу для развития работ по направлению 4.2.2 «Генетические механизмы физиологических процессов». Направления 4.2.1 и 4.2.2 тесно переплетаются с работами по направлению 4.2.3 «Генетические механизмы доместикации животных и дестабилизирующего отбора», которые базируются на абсолютном мировом приоритете и уникальных компетенциях в изучении процессов микроэволюционного формирования генетически-детерминированных комплексов поведенческих признаков у млекопитающих на основе разработанной академиком Д.К. Беляевым концепции дестабилизирующего отбора. Исследование молекулярно-генетических механизмов селекционного преобразования поведения, в том числе таких социально-значимых форм как дружелюбие/агрессия, вносят большой вклад в понимание природы человека и в понимание внутренних (биологических) причин девиаций социального поведения.

Тема 4.1 «Генетика человека»

Цель работы: исследование генетической структуры популяций населения Российской Федерации с использованием новейших технологий секвенирования для получения знаний о «полногеномной» картине аллельного спектра и структуры неравновесия по сцеплению в российских популяциях и получение на этой основе новых знаний в области популяционной, медицинской, экологической, репродуктивной генетики человека, этногенетики и палеогенетики.

Актуальность. Расшифровка полной нуклеотидной последовательности генома человека в сочетании с развитием методической базы секвенирования перевели на качественно новый уровень исследования в области генетики человека, важнейшим направлением которых является выявление генетических основ заболеваний человека. При этом основные усилия мирового научного сообщества направлены на выяснение фундаментальных генетических механизмов формирования предрасположенности к наиболее распространенным, социально значимым заболеваниям, на использование получаемых знаний для поиска новых терапевтических мишеней, а также создание новых фармакологических препаратов и трансляции результатов фундаментальных исследований в клиническую практику.

План работы по теме 4.1 «Генетика человека»

2016 год: создание биобанка биологических материалов (ДНК и клеток) от представителей различных этнических групп населения России; исследование ассоциаций генетических полиморфизмов с заболеваниями населения Сибири; изучение генофондов населения Барабинской лесостепи.

2017 год: выявление полиморфизмов, ассоциированных с социально значимыми заболеваниями человека (психическими и нейродегенеративными, сердечно-сосудистыми, метаболическим синдромом, сахарным диабетом, злокачественными опухолями, патологиями зрения, слуха); оценка вклада генетической и эпигенетической изменчивости в заболеваемость современного и древнего населения Сибири; анализ корреляций генетической и языковой дифференциации этнических групп Сибири.

2018 год: молекулярно-генетические основы нарушений обмена веществ при проживании людей в холодном климате; гормональные и метаболические детерминанты падения мужской фертильности в географическом градиенте запад-восток; генетическое обоснование исторических реконструкций этногенеза жителей Северной Азии; создание новых генетических технологий молекулярной диагностики и оценки индивидуального риска наследственных и мультифакториальных заболеваний человека.

2019 год: выявление молекулярно-генетических механизмов адаптации популяций (этнических групп) к неблагоприятным факторам внешней среды; выявление вклада генетической и эпигенетической изменчивости в формирование у жителей Сибири и Дальнего Востока нарушений обмена веществ, потери слуха, снижении мужской фертильности; сравнительный анализ генетической структуры в популяциях древнего и современного коренного населения Северной Азии.

2020 год: ассоциации эпигенетической изменчивости с формированием адаптаций и патологий у людей, проживающих в регионах Сибири и Дальнего Востока; изучение структуры генофонда древних и современных популяций человека Сибири по различным генетическим маркёрам для получения новых знаний об исторических процессах формирования генофонда населения России и миграции этнических групп; генетические обоснования этногенеза населения российских территорий Северной Азии, что имеет важнейшее значение для решения задач геополитики и формирования гармоничных межэтнических отношений.

Ожидаемые результаты реализации исследовательской программы по теме 4.1 «Генетика человека»:

2016 год: будут установлены ассоциации генетических полиморфизмов с устойчивостью к холоду, метаболизмом ксенобиотиков, вариациями мужской

фертильности, нарушениями слуха и особенностями течения клещевого энцефалита. На основе мтДНК будут проанализированы процессы этногенеза в Барабе в период голоцена.

2017 год: анализ ДНК коренных жителей Северной Азии, дополненный демографическими и медицинскими данными, позволит установить закономерности изменений в процессе этногенеза ассоциаций генетических полиморфизмов и заболеваемости. Будут разработаны диагностикумы для прогнозирования тяжелых форм клещевого энцефалита.

2018 год: будут выявлены ассоциации генетической и эпигенетической изменчивости с нарушениями метаболизма, с аномалиями слуха и вариациями сперматогенной функции. Будут даны генетические обоснования исторических реконструкций этнокультурных взаимодействий древнего населения Северной Азии.

2019 год: будут установлены ассоциации с заболеваемостью генетической и эпигенетической изменчивости в генах, контролирующих терморецепцию, обмен веществ, слух и репродуктивные функции. Будет начата интеграция данных о генетических структурах популяций древнего и современного коренного населения Северной Азии.

2020 год: будет создана база по генетической изменчивости в популяциях людей из разных регионов Сибири и Дальнего Востока. Будет проведена реконструкция генетических процессов на поздних этапах этногенеза в Северной Азии.

Тема 4.2 «Генетика и селекция животных»

Направление 4.2.1 «Лабораторные животные – генетические модели патологий человека»

Цель работы: создание национальной коллекции генетических линий лабораторных животных – моделей социально значимых заболеваний человека и экспериментальное изучение на этих моделях молекулярно-генетических, эпигенетических, клеточных, физиологических, иммунологических механизмов формирования социально-значимых заболеваний человека.

Актуальность. Генетические линии лабораторных животных – один из ключевых элементов современных биологических, биомедицинских и фармакологических исследований. Эта область наук о жизни получила мощнейший импульс к развитию благодаря (а) расшифровке геномов человека и лабораторных животных, (б) развитию генно-инженерных технологий направленного изменения геномов и (в) пониманию важнейшего вклада генетической изменчивости в формирование заболеваний человека. В результате на стыке биологии и медицины возникло новое научное направление – трансляционная биомедицина, основанная на точном знании степени соответствия молекулярно-генетических структур, систем и процессов у экспериментальных животных и человека. Для этих целей создаются гуманизированные линии животных, у которых собственные гены заменены генами человека, или линии экспериментальных организмов, геномы которых воспроизводят генетические вариации, характерные для тех или иных заболеваний людей. За последние годы мировое разнообразие генетических линий лабораторных животных – моделей патологий человека – превысило 30 тысяч генотипов, а их годовое потребление в мире составляет сотни миллионов особей. Выполнение поставленных задач позволит не только преодолеть катастрофическое отставание Российской Федерации в области создания трансгенных организмов для биомедицины и фармакологии, но и перейти на качественно новый уровень изучения молекулярно-генетических механизмов возникновения патологий человека.

План работ по направлению 4.2.1 «Лабораторные животные – генетические модели патологий человека»:

2016 год: разработка на основе методов сайт-направленного мутагенеза, клеточных и эмбриональных технологий отечественной технологической платформы для получения линий лабораторных животных – генетических моделей патологий человека, таких как гипертоническая болезнь, атеросклероз, ожирение, диабет второго типа, психопатологии; создание с использованием этой технологии первых отечественных генетических линий лабораторных животных – моделей социально-значимых патологий человека; формирование технологической платформы трансгенеза; пополнение и использование коллекционных фондов (мышей, крыс, дрозофил) для изучения патогенетических механизмов формирования социально-значимых заболеваний людей; создание животных моделей опухолей мозга, диабета и депрессивно-подобных состояний.

2017 год: создание технологической платформы для комплексного высокотехнологического изучения экспериментальных животных с применением методов флуоресцентного, ультразвукового и магнитно-резонансного имиджинга и магнитно-резонансной спектроскопии, микроскопического анализа; формирование панели генетических и экспериментальных моделей патологий, покрывающей список основных социально-значимых неинфекционных заболеваний человека, и проведение на этой основе трансляционных исследований и доклинических испытаний.

2018 год: пополнение технологической платформы для комплексного высокотехнологического изучения экспериментальных животных методами высокопроизводительного биохимического, физиологического, морфологического и поведенческого фенотипирования; пополнение коллекции генетических линий лабораторных животных – моделей патологий человека (линий мышей) – до 100 генотипов и формирование коллекции линий дрозофил для трансляционных исследований и фармакологического скрининга.

2019 год: пополнение технологической платформы для комплексного изучения экспериментальных животных омиксными технологиями (геномика, транскриптомика, протеомика и метаболомика); создание технологической платформы для фармакологического скрининга и изучения механизмов действия терапевтических средств; поиск новых фармакологических мишеней и взаимодействующих с ними лигандов (потенциальных лекарств) для терапии заболеваний на лабораторных животных – генетических моделях патологий человека; новые диагностикумы и антигельминтные рецептуры для профилактики и лечения описторхоза.

2020 год: создание трансгенных животных, моделирующих особенности генетической детерминации социально-значимых болезней коренного и пришлого населения Сибири и Дальнего Востока; изучение роли преимплантационных условий в реализации программ индивидуального развития; доклинические испытания нового антигельминтика; формирование на базе ЦКП SPF-виварий ИЦиГ СО РАН национальной российской коллекции генетических линий лабораторных животных – моделей социально-значимых патологий человека, содержащей до 200 генотипов в живом разведении и в форме криоколлекций биологического материала (эмбрионы, эмбриональные стволовые клетки, сперма, образцы ДНК).

Ожидаемые результаты реализации исследовательской программы по направлению 4.2.1 «Лабораторные животные – генетические модели патологий человека»:

2016 год: будет завершена работа по переводу всех линий мышей в криоархив и созданы две трансгенные линии мышей. На коллекции дрозофил будут исследованы генетические механизмы нарушений обмена веществ и механизмы взаимодействия мух с внутриклеточным паразитом. Будет исследована возможность коррекции артериальной гипертензии, метаболических нарушений, девиаций поведения и описторхоза оригинальными фармакологическими соединениями и пищевыми добавками.

2017 год: будут обеспечены модельными организмами исследования механизмов патогенеза и поиска новых средств профилактики и лечения метаболических нарушений, канцерогенеза, артериальной гипертензии, дисфункции кишечника, различных иммунопатологий.

2018 год: коллекция линий лабораторных грызунов будет доведена до 100 генотипов и в сочетании с коллекцией линий дрозофил будет использована в трансляционных и фармакологических исследованиях. Фенотипирование животных с целевыми мутациями генов иммунной защиты послужит основой для репозиционирования иммуномодулирующих препаратов. Будут вскрыты механизмы гипотермического действия наночастиц.

2019 год: будет сформирована научно-технологическая платформа для скрининга и изучения эффективности фармакологических препаратов. Будут исследованы параметры тубулярного транспорта наночастиц при моделировании патологий мозга.

2020 год: будут созданы линии трансгенных животных, моделирующие особенности генетической детерминации социально-значимых болезней населения Сибири и Дальнего Востока. Будет сформирована коллекции линий дрозофил, адаптированная для трансляционных исследований.

Направление 4.2.2 «Генетические механизмы физиологических процессов».

Цель работы: изучение генетических механизмов функционирования нервной системы и мозга животных, а также регулируемых ими висцеральных систем в норме и при патологиях, поиск на этой основе фармакологических мишеней для коррекции социально значимых психических патологий и психоэмоциональных расстройств человека.

Актуальность. Углубление и расширение представлений об особенностях функционирования генов в клетках и тканях мозга имеет особое значение для создания общей интегральной картины процессов формирования и развития целого ряда широко распространенных заболеваний, составляющих обширную группу болезней психосоматической природы, к каковым относятся, например, стресс-индуцированная гипертония, диабет и ожирение, и получивших взрывное распространение среди населения развитых стран психопатологических нарушений, таких как депрессивные состояния, немотивированная агрессия, фобии и параноидальные состояния вплоть до больших психозов. По некоторым данным распространенность шизофрении и подобных состояний среди урбанизированного населения мегаполисов достигает 1%. Огромную социальную нагрузку общество испытывает по причине увеличения числа больных с нейродегенеративной патологией – болезнью Альцгеймера. Неотложной задачей науки является выяснение генетических предпосылок к формированию психосоматических заболеваний и психопатологических нарушений, идентификация главных генов, ответственных за эти нарушения, и их взаимодействия с провоцирующими факторами среды. Большое внимание должно быть уделено изучению генетических механизмов регуляции нейроэндокринной системы организма, которая является главным связующим звеном между мозгом и соматическими процессами и функциями. В итоге работа должна быть направлена на создание новых субстанций и препаратов, адресованных ключевым звеньям психопатологических процессов с целью их коррекции.

План работы по направлению 4.2.2 «Генетические механизмы физиологических процессов»:

2016 год: исследование основных нейроэндокринных механизмов регуляции артериального давления при стресс индуцированной артериальной гипертонии; исследование механизмов гормональной регуляции проницаемости клеточных мембран; изучение механизмов модуляции и программирования процессов онтогенеза

при действии гормонов стресса и средовых факторов в раннем постнатальном онтогенезе; отсроченные эффекты воздействий в раннем пре- и постнатальном онтогенезе; изучение роли инсулинового сигнального пути в развитии стресс-реакции и эндокринной регуляции репродуктивной функции насекомых; изучение эффектов микрогравитации у мышей.

2017 год: исследование нейромедиаторной функции мозга при стресс-индуцированной артериальной гипертонии; исследование внутриклеточных сигнальных путей регуляции водно-солевого гомеостаза организма; изучение роли лептина в нарушениях углеводно-жирового обмена у мышей с мелано-кортиновым ожирением; исследование экспрессии генов нейромедиаторных систем мозга при воздействиях стрессов, воспаления, микрогравитации; формирование референсной выборки крупного рогатого скота для геномной селекции; поиск потенциальных фармакологических мишеней для противопаразитарных лекарственных препаратов, исследование молекулярных механизмов действия антигельминтиков; анализ дивергенции митохондриальных и ядерных маркёров у неморальных видов чешуекрылых из рода Apatura, имеющих амфипалеарктические ареалы.

2018 год: исследование функции ионных каналов почечных канальцев и их гормональной регуляции при стресс-индуцированной артериальной гипертонии; разработка метода диагностики функциональных возможностей клеток транспортного эпителия; исследование метаболических и эпигенетических изменений у потомков матерей с гиперлептинемией; выявление в гиппокампе взрослых животных генов, ответственных за развитие психоэмоциональных расстройств, и разработка средств их коррекции.

2019 год: идентификация олигогенов и генных сетей, вовлеченных в патогенез стресс зависимой артериальной гипертонии; изучение влияния фармакологических препаратов на функции клеток транспортного эпителия почки; зависимость от пола потомков эпигенетических эффектов материнской гиперлептинемии; нейробиологические эффекты целевого подавления экспрессии нейрогенов с помощью shRNA.

2020 год: экспериментальная проверка новых подходов к генетической терапии гипертонических состояний с помощью антисмысловых олигонуклеотидов и микроРНК; молекулярные механизмы функционирования нефронов; верификация потенциальных фармакологических мишеней глюкокортикоид-чувствительных структур мозга; создание методического комплекса оптогенетических исследований мозга.

Ожидаемые результаты реализации исследовательской программы по направлению 4.2.2 «Генетические механизмы физиологических процессов»:

2016 год: будут идентифицированы главные звенья нейроэндокринной системы, вовлеченные в патогенез стресс-зависимой формы артериальной гипертонии. Будут исследованы генетические механизмы регуляции липидного и водно-электролитного обменов. Будет исследована и установлена роль нейронов поля CA1 гиппокампа в обеспечении устойчивости/предрасположенности к проявлению депрессивно-подобного состояния. Будут исследованы нейробиологические эффекты микрогравитации.

2017 год: будут исследованы осморегулирующие эффекты цитокинов и мембранных блокаторов. Будет установлена роль микрогравитации, стрессов и воспаления в модуляциях нейромедиаторных систем мозга и параметров поведения. Будет изучена роль ГАМК-fos/jun сигнальных систем в молекулярно-нейробиологических процессах, обеспечивающих метаболизм формирующегося головного мозга.

2018 год: будет проведен скрининг соединений, регулирующих объем клетки собирательных трубок почки. Будет выявлено влияние гиперлептинемии беременных матерей на уровень метилирования генов в плаценте и уровни глюкозы и липидов в крови потомков. Будут установлены гены, вовлеченные в формирование индуцированного стрессом депрессивно-подобного состояния.

2019 год: будет оценена эффективность фармакологических воздействий на функции клеток почки. Будут изучены нейробиологические эффекты подавления экспрессии нейрогенов путем введения адено-ассоциированных вирусов, несущих shRNA.

2020 год: будут исследованы эпигенетических эффектов гиперлептинемии беременных матерей. Будут верифицированы фармакологические мишени в гиппокампе и группах серотонинергических нейронов мозга. Будет создан методический комплекс для оптогенетических исследований мозга.

Направление 4.2.3 «Генетические механизмы доместикации животных и дестабилизирующего отбора».

Цель работы: создание методами селекции лабораторных животных – генетических моделей депрессивного, агрессивного и спокойного (дружественного) по отношению к человеку поведения и изучение на таких микроэволюционных моделях молекулярно-генетических и физиологических механизмов формирования социально-значимых типов поведения.

Актуальность. Способность к социализации в новой популяционной группе, отсутствие страха и излишней агрессивности, предрасположенность к проявлению исследовательского и кооперативного поведения имеют первостепенное значение в процессах социальной адаптации и социального прогресса. Динамику изменений генетической основы этих поведенческих и психосоциальных характеристик организма можно с наибольшей полнотой исследовать в процессе искусственной доместикации животных, которая сопровождается интенсивным отбором по поведению. Проведение исследований по отбору млекопитающих на агрессивное и доброжелательное по отношению к человеку поведение имеет исключительно большое значение для понимания вклада генетических механизмов в формирование социально-толерантного типа поведения у человека, а также для профилактики и лечения поведенческих нарушений человека.

План работы по направлению 4.2.3 «Генетические механизмы доместикации животных и дестабилизирующего отбора».

2016 год: выявление генов, вовлеченных в отбор при доместикации лисиц (Vulpes vulpes), норок (Mustela vison) и серых крыс (Rattus norvegicus); анализ генетических полиморфизмов, ассоциированных с терморегуляцией у коров.

2017 год: анализ морфологических и эпигенетических изменений при доместикации лисиц (Vulpes vulpes), норок (Mustela vison) и серых крыс (Rattus norvegicus); патентование новой окрасочной формы норок.

2018 год: создание общей схемы трансформации генетико-физиологических процессов при селекции серых крыс (Rattus norvegicus) по поведению; создание профиля метилирования ДНК у лисиц, контрастных по доместикационному поведению; выяснение сопряженной изменчивости окраски соматических признаков в онтогенезе американской норки.

2019 год: изменения морфологических признаков, транскриптома, паттернов метилирования ДНК и модификации гистонов при отборе по поведению и физиологической реакции на стресс.

2020 год: расшифровка молекулярно-генетических механизмов, лежащих в основе преобразований поведения и физиологических функций при доместикации, а также при отборе на высокую или низкую устойчивость к стрессам разной природы;

получение новых окрасочных форм американских норок и соболей путем селекционной дестабилизации геномов.

Ожидаемые результаты реализации исследовательской программы по направлению 4.2.3 «Генетические механизмы доместикации животных и дестабилизирующего отбора»:

2016 год: будут выявлены группы генов, наиболее затронутые отбором на доместикацию. Будет подана патентная заявка на новую окрасочную форму норки – «Сапфировый леопард».

2017 год: будет сопоставлена направленность краниологических изменений при доместикации лисиц с таковыми у собак и волков и их предковых форм. Будет выяснена роль эпигенетических изменений в преобразованиях поведения при доместикации серых крыс. Будет подана заявка на патентование новой окрасочной формы меха норки – «Лавандовый леопард», созданной путем дестабилизирующего отбора по поведению.

2018 год: будут исследованы генетические и эпигенетические изменения у лисиц и крыс, селекционированных по поведенческим признакам и реакции на стресс. У американской норки будет проанализирована сопряженная изменчивость окраски меха и соматических признаков.

2019 год: будут исследованы транскриптомы, паттерны метилирования ДНК и модификации гистонов у животных, отобранных по поведению и по физиологической реакции на стресс. Будут установлены феногенетические ассоциации мутаций окраски с поведением и содержанием биогенных аминов в разных отделах головного мозга у норок и соболей.

2020 год: будут проанализированы метаболические пути, детерминированные генами, различающимися по экспрессии у животных с различной физиологической и поведенческой реакцией на стрессы. На основе дестабилизирующего отбора американских норок и соболей будут получены новые окрасочные формы этих животных.

Задача 2: Повышение эффективности использования имущественного комплекса.

План оптимизации имущественного комплекса складывается из взаимосвязанных мероприятий развития общей и научной инфраструктуры, приобретения оборудования (детально описан в п. 4.2.4 Пояснительной записки), плана реконструкции, строительства и приобретения объектов недвижимости (детально описан в п. 4.2.5 Пояснительной записки). Ниже приведены мероприятия в рамках базового сценария Программы развития, выполнение которых планируется финансировать из средств, которые будут выделены ИЦиГ СО РАН на выполнение Программы развития.

1) Развитие высокотехнологичной приборной базы для проведения научных исследований. Планируется приобрести высокопроизводительный секвенатор Illumina NextSeq 550, необходимый для выполнения исследовательских проектов Программы развития, так как высокопроизводительное секвенирование необходимо для изучения любых биологических объектов. Прибор NextSeq 550 – высокопроизводительный секвенатор второго поколения, основан на технологии массового параллельного секвенирования с использованием флуоресцентно меченых нуклеотидов. Имеет оптимальную для существующих и перспективных задач ИЦиГ СО РАН производительность – до 120 млрд п.н. за один запуск (секвенирование одного генома человека, либо 4–16 транскриптомов, либо 12 экзомов за одну загрузку), а также высокую гибкость применения. Позволяет проводить секвенирование в режиме парных чтений при длине прочтения до 150 нуклеотидов.

2) Капитальный ремонт инфраструктуры: часть помещений ИЦиГ СО РАН находится в плохом состоянии и требует срочного капитального ремонта. Кроме этого,

планируется оборудование временного перехода, замыкающего в единый комплекс корпуса 1, 2, 3, 4 и 5 (главная площадка ИЦиГ СО РАН, на которой расположено большинство лабораторных помещений и часть ЦКП). Это позволит существенно улучшить логистику проведения экспериментов, так как появится возможность перемещения объектов экспериментов между лабораториями и ЦКП без выноса их за пределы зданий, что особенно важно в зимний период.

3) Приобретение дополнительной сельскохозяйственной техники для проведения полевых работ в рамках ИП. В рамках Программы развития планируются работы по получению новых сортов сельскохозяйственных растений с помощью методов маркёр-ориентированной и геномной селекции и их последующее внедрение в сельское хозяйство СФО и других регионов Российской Федерации, что требует, в том числе, и семеноводства. У ИЦиГ СО РАН есть экспериментальные поля, что позволяет осуществлять такие работы, однако часть сельскохозяйственной техники в плохом или нерабочем состоянии и требует замены. В частности, планируется приобретение мобильной зерносушилки, комплекса семяочистительных машин (решетный стан и триера) и аэропонной установки.

Таблица 1. План закупок

Мероприятия 2016 года	Средства Программы развития, тыс. руб.
Закупка секвенатора Illumina NextSeq 550	65 490
Оборудование на базе - Нейровизор 136 МКС	3 100
Генетический анализатор «НАНОФОР-05»	7 500
Капитальный ремонт объектов научной инфраструктуры	10 000
Закупка сельскохозяйственной техники	12 035
Мероприятия 2017 года	
Расширение кластерных системы, системы хранения данных, расширения ИТ инфраструктуры научных исследований	24 000
Капитальный ремонт объектов научной инфраструктуры	25 000
Мероприятия 2018 года	
Закупка сельскохозяйственной техники	13 000
Капитальный ремонт объектов научной инфраструктуры	17 875

В рамках перспективного сценария Программы развития, рассчитанного на дополнительное финансирование из внешних источников, план оптимизации имущественного комплекса ИЦиГ СО РАН состоит из следующих мероприятий: 1) развитие сети ЦКП; 2) приведение в порядок всех экспериментальных полей и связанной с полевыми работами инфраструктуры, приобретение и приведение в рабочее состояние всей сельскохозяйственной техники; 3) проведение капитального ремонта всех объектов недвижимости, состояние которых делает это необходимым.

Перспективные сценарии Программы развития должны быть основаны на известных перспективах получения финансовой поддержки. В случае ИЦиГ СО РАН такими перспективами являются подготовленная документация для подачи заявки на получение финансирования в рамках крупных проектов разного уровня. Перечень таких заявок включает:

А) Заявку на Федеральную адресную целевую программу (далее – ФАИП) «Реконструкция комплекса зданий, закрепленных за ИЦиГ СО РАН на праве оперативного управления» (тип инвестиционного проекта – инфраструктуры национальной инновационной системы; задачи – Создание «Единого комплекса зданий ИЦиГ СО РАН» с устройством отапливаемых надземных переходов, для более удобных и комфортных условий эффективного проведения фундаментальных и прикладных научных исследований). Проект был согласован с территориальным управлением ФАНО России, прошел экспертизу и в настоящее время находится на доработке.

В случае получения финансирования: полное обновление и реконструкция комплекса объектов недвижимости ИЦиГ СО РАН, значительное улучшение возможности проведения высокотехнологичных научных работ по всем исследовательским проектам.

Б) Заявку на инвестиционный проект на формирование Западно-Сибирского селекционного центра растениеводства. По заказу ИЦиГ СО РАН подготовлено технико-экономическое обоснование (далее – ТЭО) (декабрь 2015 года, исполнитель – Государственное автономное учреждение Новосибирской области «Агентство формирования инновационных проектов «АРИС» (ГАУ НСО «АРИС»)). Проект включен в план реиндустриализации Новосибирской области, рассматривается в качестве одного из потенциальных флагманских проектов.

В случае получения финансирования: обновление полевой инфраструктуры для проведения исследований по исследовательскому проекту 1, развитие проектов в области инновационной селекции сельскохозяйственных растений, обновление парка сельскохозяйственной техники.

В) Заявка на формирование высокотехнологичной лаборатории (далее – ВТЛ) для проведения исследований в области маркёр-ориентированной и геномной селекции картофеля и других видов сельскохозяйственных растений. Создание ВТЛ предполагается в рамках комплексной целевой программы Российской Федерации «Научное обеспечение деятельности по созданию отечественного посевного фонда, средств защиты растений в целях производства российскими производителями конкурентоспособной сельскохозяйственной продукции, а также по созданию технологий производства (выращивания) и хранения такой продукции на 2016–2025 годы» (по приоритетному направлению «Картофелеводство»). Картофельная целевая программа утверждена приказом Президента Российской Федерации «О мерах по реализации государственной научно-технической политики в интересах развития сельского хозяйства» от 21 июля 2016 года № 350 и будет финансироваться, начиная с 2017 года. В настоящее время Правительство Российской Федерации формирует программу мероприятий в рамках картофельной целевой программы.

В случае получения финансирования: существенное обновление приборно-методической и полевой базы для проведения научных исследований в области генетики растений (исследовательский проект 1).

Каждая из заявок оформлена в виде пакета документов (ФАИП, ТЭО). Ниже приведен перспективный вариант развития инфраструктуры научных исследований.

(1) Модернизация гидропонного тепличного комплекса за счет создания дополнительного объема специализированных площадей, включающих фитотрон: надстройка двух этажей над корпусом № 2 ИЦиГ СО РАН.

(2) Создание укороченных логистических схем взаимодействия между инфраструктурными объектами ИЦиГ СО РАН. Для достижения этих целей планируется модернизировать 4-й корпус (надстройка 2 500 тысяч квадратных метров лабораторных помещений) с созданием систем доступа через специализированные переходы и шлюзы в другие корпуса ИЦиГ СО РАН и особо чистый шлюз в SPF-виварий ИЦиГ СО РАН. В комплекс этих мероприятий также будет входить модернизация системы вентиляции 5-го корпуса ИЦиГ СО РАН для обеспечения работы по заданным направлениям Программы развития.

(3) Создание специальных помещений для биохимических и биотехнологических лабораторий. Создание современного склада легко воспламеняющей жидкости (далее – ЛВЖ), склада для хранения биологического материала в специальных условиях с системами резервного электропитания и условиями хранения. Данные объекты будут расположены в помещениях, переданных в

оперативное управление ИЦиГ СО РАН от других организаций ФАНО России в 2016 году.

(4) Создание современной серверной с обеспечением к ней доступа от центров коллективного пользования для передачи больших объемов данных по современных скоростным каналам.

(5) Лабораторный комплекс для проведения опытов по изучению поведения животных. Для этих целей планируется реконструировать конвенциальный виварий ИЦиГ СО РАН, что позволит получить более 1000 квадратных метров современных помещений.

(6) ИЦиГ СО РАН в 2013 году получил в управление опытное экспериментально-сельскохозяйственное производство в пос. Елбаши Новосибирской области. Для проведения экспериментов в рамках тематик направлений по генетике растений и генетическим основам биотехнологий данное хозяйство незаменимо. Его инфраструктура насчитывает более 4 000 гектаров, пригодных для экспериментальных полей. В рамках программы комплексного развития ИЦиГ СО РАН предлагается выделить средства на модернизацию сельхозтехники и закупку оборудования для биотехнологических производств, а также на капитальный ремонт сельскохозяйственной инфраструктуры.

(7) В связи с расширением образовательной деятельности и открытием магистратуры требуется расширение специализированных образовательных помещений. Планируется до 2020 года открыть до 1500 квадратных метров таких площадей.

(8) Создание качественной системы доступа к национальной инфраструктуре высокопроизводительных вычислений пентафлопсного уровня (суперкомпьютер «Ломоносов» (Федеральное государственное образовательное учреждение высшего профессионального образования «Московский государственный университет имени М.В. Ломоносова» (далее – МГУ)), а также современной системы хранения больших объёмов данных требует обновления инфраструктуры информационных технологий ИЦиГ СО РАН. Для этого необходима, инсталляция и последующая аренда магистрального цифрового каналы связи ёмкостью 1–10 Гбит/с (например, у Ростелеком), возможно с поэтапной стратегией увеличения пропускной способности (2016 год – до 1 Гбит/с, 2017 год – 2 Гбит/с, 2020 год – 10 Гбит/с). Создание адекватной решаемым задачам системы хранения данных (в виде комплексного программно-аппаратного решения по организации надёжного хранения информационных ресурсов и предоставления гарантированного доступа к ним) в корпоративной сети ИЦиГ СО РАН, которая должна быть интегрирована с другими суперкомпьютерными ресурсами: Центром коллективного пользования «Сибирский суперкомпьютерный центр» Новосибирского научного центра Федерального государственного бюджетного учреждения «Сибирское отделение Российской академии наук» (далее – ННЦ СО РАН) на базе Федерального государственного бюджетного учреждения науки Института вычислительной математики и математической геофизики Сибирского отделения Российской академии наук (далее – ИВМиМГ СО РАН) и Новосибирского национального исследовательского государственного университета (далее – НГУ) и суперкомпьютера «Ломоносов» (МГУ). Создание современной серверной и обновление внутренней компьютерной сети для увеличения пропускной способности до 10 Гбит/с.

Этот план частично (пункты 1–5, 7) основан на заявке ФАИП «Реконструкция комплекса зданий, закрепленных за ИЦиГ СО РАН на праве оперативного управления». Проект был подан в ФАНО России, прошел экспертизу и в настоящее время находится на доработке.

Задача 3: Подготовка высококвалифицированных научных работников для осуществления мероприятий программы развития.

Улучшение системы подготовки высококвалифицированных научных работников относится к числу вызовов, стоящих перед ИЦиГ СО РАН. Это обусловлено высокой скоростью развития генетики и генетических технологий, что требует быстрого изменения учебных программ для студентов и аспирантов, а также возможности повышения квалификации для научных работников и технического персонала. В системе управления ИЦиГ СО РАН должна быть предусмотрена возможность поддержки проектов, осуществляемых талантливыми молодыми учеными – лидерами, в том числе путем организации временных трудовых коллективов под их руководством, в дальнейшем трансформируемых в структурные научные подразделения ИЦиГ СО РАН. Второй аспект проблемы – организация научно-образовательного процесса путем целевой подготовки студентов и аспирантов на базе научных подразделений ИЦиГ СО РАН.

Этот раздел Программы развития в рамках базового сценария включает следующие мероприятия (перспективный сценарий описан в Пояснительной записке):

1) Развитие кадрового потенциала и управление кадровыми ресурсами:

создание кадрового резерва ИЦиГ СО РАН для обеспечения стабильной работы существующих научных и научно-вспомогательных подразделений. С этой целью в каждом научном подразделении должен быть подготовлен молодой ученый, выполняющий функции заместителя заведующего подразделением и, в перспективе, способный возглавить это или другое научное подразделение ИЦиГ СО РАН;

совершенствование системы управления ИЦиГ СО РАН в аспектах административно-хозяйственной деятельности.

Развитие кадрового состава нацелено на повышение квалификации научных сотрудников и повышение эффективности (продуктивности) их работы. Программа развития ИЦиГ СО РАН включает следующее:

разработка положений об аттестации научных работников и переход на эффективные контракты, учитывающие результативность. Срок исполнения: 2016 год.

разработка и внедрение новых положений о ненаучных структурных подразделениях и должностных инструкциях сотрудников с учетом требований эффективности. Срок исполнения: поэтапно, начиная с 2016 года.

проведение аттестации всех сотрудников административно-управленческого персонала (далее – АУП) и вспомогательных подразделений. Срок исполнения: ежегодно, начиная с 2016 года, в соответствии с графиками аттестации.

заключение с сотрудниками АУП и вспомогательных подразделений эффективных контрактов. Срок исполнения: 2016 год.

2) Научно-образовательная деятельность:

В рамках базового сценария Программы развития планируется проведение трех мероприятий.

Мероприятие 1. Подготовка студентов по программам бакалавриата, специалитета и магистратуры совместно с вузами.

ИЦиГ СО РАН является базовым научно-исследовательским учреждением для четырёх кафедр факультета естественных наук (далее – ФЕН) НГУ: кафедра цитологии и генетики, кафедра физиологии, кафедра молекулярной биологии и кафедра информационной биологии. Студенты ФЕН НГУ традиционно привлекаются к исследовательской работе в научных коллективах ИЦиГ СО РАН, что является основой для получения ими высокой квалификации и подготовки дипломных работ на современном научно-методическом уровне. В 2015–2016 годах в лабораториях ИЦиГ СО РАН стажировались и стажируются 65 бакалавров, специалистов и магистрантов НГУ.

В рамках Программы развития планируется повышение методического уровня подготовки студентов НГУ (в частности, с помощью инструментов Программы

развития НГУ, основанной на финансировании Минобрнауки Российской Федерации по конкурсу Топ-5-100). С этой целью создана совместная научно-образовательная лаборатория с участием известных зарубежных ученых (зеркальная лаборатория «Компьютерная транскриптомика и эволюционная биоинформатика», научный руководитель – профессор Иво Гроссе (университет Мюнстера, Германия)).

ФЕН НГУ готовит недостаточное количество молодых специалистов, и спектр выпускных специальностей ограничен. В 2013 году был также заключен договор о сотрудничестве с федеральным государственным бюджетным образовательным учреждением высшего образования «Новосибирский государственный аграрный университет» (далее – НГАУ), в рамках которого студенты НГАУ (бакалавры и магистранты кафедры селекции, генетики и лесоводства) выполняют дипломные работы на базе исследовательских лабораторий ИЦиГ СО РАН и лабораторий СибНИИРС – филиала ИЦиГ СО РАН.

В 2015 году ИЦиГ СО РАН расширил взаимодействие с университетами, заключив также договор со студентам Федерального государственного образовательного учреждения высшего образования «Новосибирский государственный медицинский университет Минздрава России» (далее – НГМУ) о предоставлении научно-исследовательской базы для профессиональной подготовки и выполнения дипломных работ студентам старших курсов медико-профилактического факультета НГМУ по специализациям медицинская биохимия и медицинская биофизика. В 2015-2016 учебном году первые студенты НГМУ начали проходить соответствующую научно-исследовательскую подготовку на базе ИЦиГ СО РАН.

В рамках Программы развития на основе расширения контактов с аграрным и медицинским университетами города Новосибирска планируется увеличить на 15–20% годовые показатели по общему числу студентов (бакалавриат, специалитет и магистратура), обучающихся навыкам научно-исследовательской работы и выполняющих выпускные квалификационные работы на базе ИЦиГ СО РАН. Такое взаимодействие позволит студентам Федерального государственного образовательного учреждения высшего образования «Новосибирский государственный аграрный университет» (далее – НГАУ) и студентам НГМУ приобрести дополнительные знания по проблемам современной биологии и, в целом, поднимет уровень научных исследований, проводимых студентами университетов в рамках сельскохозяйственных и медицинских направлений подготовки, а также позволит отбирать наиболее талантливых выпускников для поступления на работу в научные подразделения ИЦиГ СО РАН.

Таблица 2. Планируемое изменение среднегодовой численности студентов университетов, выполняющих дипломные работы на базе научно-исследовательских лабораторий ИЦиГ СО РАН (количество человек)

Студенты	Календарный год				
	2016	2017	2018	2019	2020
НГУ, количество человек	30–35	30–35	30–35	30–35	30–35
НГАУ, количество человек	5–6	6–7	7–8	8–9	9–10
НГМУ, количество человек	4–5	5–6	6–7	7–8	8–9
Всего человек	39–46	41–48	43–50	45–52	47–54

Мероприятие 2. Открытие собственной магистратуры (участие в пилотном проекте ФАНО России)

В ИЦиГ СО РАН планируется создание собственной магистратуры по направлению подготовки «Биология». Выполнение основных мероприятий в этом направлении планируется в следующих временных рамках:

в 2017 году – будет создано специализированное структурное подразделение в Научно-образовательном отделе;

во втором и третьем квартале 2017 года – разработка образовательных программ магистратуры;

в третьем и четвертом квартале 2017 года – разработка необходимых нормативных внутренних документов, регламентирующих деятельность магистратуры;

в четвертом квартале 2017 года – подготовка пакета документов для оформления лицензии;

в первом квартале 2018 года – отправка документов для получения лицензии, получение лицензии;

третий квартал 2018 года – прием на договорной основе на обучение по программе магистратуры граждан, имеющих диплом бакалавра по биологии;

2017/2018 учебный год – обучение магистрантов (1-й курс), принятых на договорной основе, по лицензированной образовательной программе;

2018/2019 учебный год – обучение магистрантов (2-й курс), подготовка документов и подача заявки на государственную аккредитацию образовательной программы.

В рамках базового сценария Программы развития планируется подготовка магистрантов по специальностям «генетика» и «математическая биология, биоинформатика», в рамках перспективного сценария Программы развития предусмотрен развернутый вариант магистратуры.

Мероприятие 3. Развитие аспирантуры ИЦиГ СО РАН

В соответствии с новым законом «Об образовании в Российской Федерации» № 273-ФЗ от 29 декабря 2012 года, вступившего в силу со всеми изменениями и дополнениями 01 января 2015 года, дальнейшее развитие аспирантуры как третьего уровня высшего образования предполагает приведение образовательных программ и образовательного процесса в соответствие с Федеральным государственным образовательным стандартом (далее – ФГОС) и приказами Минобрнауки Российской Федерации, регламентирующими организацию образовательного процесса по программам подготовки научно-педагогических кадров высшей квалификации в аспирантуре. Для успешной дальнейшей работы аспирантуры ИЦиГ СО РАН в рамках базового сценария Программы развития необходимо сделать следующее: (1) переоформление свидетельства о государственной аккредитации после получения новой лицензии (I квартал 2016 года); (2) приведение образовательных программ по всем научным специальностям по направлению подготовки 06.06.01 – Биологические науки (ИЦиГ СО РАН) и направлению подготовки 35.06.01 – Сельское хозяйство (СибНИИРС – филиал ИЦиГ СО РАН в соответствие с новыми ФГОСами (2015/2016, 2016/2017, 2017/2018 учебные годы); (3) постепенный и полный переход на обучение в аспирантуре по ФГОС к началу 2019/2020 учебного года; (4) формирование штатного профессорско-преподавательского состава (далее – ППС) из числа сотрудников ИЦиГ СО РАН, кандидатов и докторов наук, обеспечивающего чтение курсов лекций и проведение семинаров при обучении аспирантов (в дальнейшем и магистрантов) ИЦиГ СО РАН (2015 /2016, 2016/2017, 2017/2018 учебные годы); (5) разработка новых и обновление прежних лекционных курсов с целью их пополнения современными научными знаниями, написание учебных и методических пособий для обучающихся (2015/2016, 2016/2017, 2017/2018 учебные годы); (6) подготовка пакета внутренних нормативных документов, регламентирующих деятельность аспирантуры и организацию образовательного процесса: прием на обучение, организацию учебного процесса, проведение промежуточной и итоговой аттестации обучающихся и выдачу дипломов об окончании аспирантуры (2015/2016, 2016/2017, 2017/2018 учебные годы); (7) подготовка пакета документов для подачи заявления в Рособрнадзор России на

получение свидетельства об аккредитации образовательной программы в связи с истечением срока предыдущего свидетельства (2018/2019 учебный год).

Таблица 3. Планируемое изменение среднегодовой численности аспирантов в ИЦиГ СО РАН, в том числе обучающихся в соответствии с ФГОС или Федеральным государственным требованиям (далее – ФГТ) (количество человек)

Аспиранты	Календарный год				
	2016	2017	2018	2019	2020
Всего аспирантов, человек	59–64	58–64	77–83	76–82	80–86
Обучающихся по ФГОС, человек	43–46	55–60	75–80	75–80	80–85
Обучающихся по ФГТ, человек	16–18	3–4	2–3	1–2	0–1
Доля аспирантов, обучающихся по ФГОС, %	Не менее 70	Не менее 93	Не менее 96	Не менее 97	Не менее 98

В результате реализации всех вышеперечисленных мероприятий к 2019 году будут достигнуты следующие показатели кадрового потенциала в возрастном и квалификационном разрезах: студенты разных университетов, проходящие практическое обучение на базе ИЦиГ СО РАН, – 50–55 человек; магистранты ИЦиГ СО РАН – 15–20 человек; аспиранты ИЦиГ СО РАН – 75–80 человек; 42% научно-педагогического состава (далее – НПС) будут моложе 39 лет.

В ИЦиГ СО РАН работает Диссертационный совет по защите докторских диссертаций Д 003.011.01 (утвержден Высшей аттестационной комиссией 15 января 2010 года, приказ ВАК № 1-7 и переутвержден Министерством образования и науки Российской Федерации 11 апреля 2012 года, приказ № 105/нк), принимающий к защите работы по трем специальностям: 03.02.07 – генетика, 03.03.04 – клеточная биология, цитология, гистология и 03.01.09 – математическая биология, биоинформатика. За период 2011–2015 годов в совете защищено 66 диссертаций, из них – 61 кандидатская диссертация и 5 докторских диссертаций.

Задача 4: Международная деятельность

Для выполнения задач, стоящих перед исследовательской программой ИЦиГ СО РАН, необходимо активное целевое участие в международных проектах, что позволит осваивать новые технологии и использовать дорогостоящее уникальное оборудование для выполнения собственных научных задач, а также принимать участие в исследовании значимых актуальных проблем генетики в составе международных консорциумов, объединяющих различные компетенции и ресурсы.

В рамках базового сценария Программы развития предусмотрено выполнение следующих мероприятий по целенаправленной организации международного сотрудничества:

А) Создание в составе ИЦиГ СО РАН международных лабораторий и научных подразделений с участием ведущих зарубежных ученых. На данный момент подписан ряд соглашений (они перечислены ниже вместе с краткой характеристикой текущего положения дел и планов развития).

Совместная лаборатория ИЦиГ СО РАН с Национальной академией наук Беларуси (далее – НАНБ). Выполняются исследования в области маркёр-ориентированной и геномной селекции пшениц и изучения генетического контроля признаков растений). Программа развития: целевая поддержка создания в 2017–2018 годах экспериментальной генетической коллекции интрогресивных форм пшеницы на уникальном материале ИЦиГ СО РАН и НАНБ для эффективного выполнения работ по госзаданию ИЦиГ СО РАН.

Международная лаборатория «Молекулярные механизмы регенерации» с Университетским медицинским центром Гронингена, Нидерланды. Работа находится на начальной организационной стадии. Программа развития: целевая поддержка

разработки методов работы с плоским червем Macrostomum lignano в качестве модельного организма (2017 год), масштабное исследование стволовых клеток и механизмов регенерации на этом объекте (2018–2020 годы).

Международная лаборатория «Молекулярные механизмы нейропатологий» с Оксфордским университетом (Институт радиационной онкологии и биологии им. Грэя), Великобритания. Работа инициирована в 2014 году, в 2015 году создана инфраструктура и успешно проводится в настоящее время: получены и опубликованы первые результаты исследований в области инновационных стратегий в молекулярной диагностике нейропатологий, связанных с дефектами репарации ДНК. Работа идет в плановом порядке, специальных мероприятий поддержки в Программе развития ИЦиГ СО РАН не планируется.

Лаборатория «Системная биология программируемой клеточной гибели» (с международным участием – зав. лаб. профессор Инна Лаврик, Университет Ото фон Герике, Магдебург, Германия; поддержана грантом РНФ). Работа инициирована в 2015 году и успешно проводится в настоящее время: получены и опубликованы первые результаты по тематике: ингибиторы и индукторы апоптоза, имеющие терапевтический потенциал. Работа идет в плановом порядке, специальных мероприятий поддержки в Программе развития ИЦиГ СО РАН не планируется.

Лаборатория «Статистическая функциональная геномика» (с международным участием – заведующий лабораторией профессор Юрий Аульченко, Университет Эдинбурга, Великобритания; поддержана грантом РНФ). Лаборатория успешно работает и является одним из мировых лидеров в разработке новых методов и стратегий полногеномного анализа данных функциональной геномики высокой размерности. Работа идет в плановом порядке, специальных мероприятий поддержки в Программе развития ИЦиГ СО РАН не планируется.

Лаборатория «Геномика и эволюция млекопитающих» (с международным участием – заведующий лабораторией профессор Денис Ларкин, Лондонский университет, Великобритания). Программа развития: целевая поддержка лаборатория на стадии организации (получен грант РНФ, осуществляется развитие инфраструктуры исследований).

Центр нейробиологии и нейрогенетики мозга (в рамках гранта для проведения исследований под руководством ведущих ученых; руководитель – профессор Евгений Рогаев, Массачусетский Университет, США). Центр активно работает в течение трех лет, получены новые данные о генах, ответственных за функции и патологии мозга, реконструированы генные сети нейробиологических процессов. Работа идет в плановом порядке, специальных мероприятий поддержки в Программе развития ИЦиГ СО РАН не планируется.

Б) Участие ИЦиГ СО РАН в международных консорциумах по изучению актуальных проблем генетики, генетических технологий и их приложений для решения актуальных проблем биологии, медицины и сельского хозяйства. ИЦиГ СО РАН входит в координационный комитет Международного консорциума по секвенированию генома мягкой пшеницы (отвечает за секвенирование хромосомы 5B), что является одним из важных направлений работ по Исследовательскому проекту 1 Программы развития. ИЦиГ СО РАН является одним из организаторов Российско-германской сети по биоинформатике «Компьютерная системная биология», в рамках которой проводятся научные семинары и обучающие курсы. В 2016 году ИЦиГ СО РАН стал членом EUCARPIA (Европейская ассоциация исследований по селекции растений), что открыло новые возможности для сотрудничества с зарубежными организациями, занимающимися высокопроизводительной селекцией растений. В 2016 году подана заявка на вступление ИЦиГ СО РАН в «Международный терагерцовый консорциум»

(ТГЦК). ИЦиГ СО РАН является одним из пионеров в области изучения биологических эффектов терагерцового излучения и его применения в практических целях.

В) Организация международных конференций и семинаров

Проведение международных конференций на базе ИЦиГ СО РАН является одной из важных областей деятельности ИЦиГ СО РАН, так как это дает возможность максимального широкого участия молодых ученых, аспирантов и студентов. На базе ИЦиГ СО РАН в год проводятся 3–5 конференций и школ молодых ученых, при этом три мероприятия являются регулярными.

С 1998 года проводится Международная мультиконференция «Биоинформатика и системная биология BGRS\SB» (Bioinformatics of Genome Regulation and Strucure\Systems Biology — BGRS\SB). Основная задача системной биологии – комплексное экспериментально-компьютерное изучение закономерностей организации и функционирования биологических систем молекулярно-генетического, клеточного, тканевого, органного и организменного уровней на основе информации, закодированной в их геномах, что делает эту конференцию тематической для большинства научных подразделений ИЦиГ СО РАН (400–450 участников из большинства крупных научных центров).

Регулярно проводятся: Международная конференция «Генетика, геномика, биоинформатика и биотехнология растений» (базовая для подразделений, участвующих в Исследовательском проекте 1 Программы развития); Международная Школа молодых ученых «Системная биология и биоинформатика» (в 2016 году была проведена восьмая по счету школа). В рамках Программы развития планируется поддерживать и расширять список Международных конференций, проходящих на базе ИЦиГ СО РАН.

В традиционные направления взаимодействия с зарубежными научными центрами входят:

академический обмен сотрудниками, преподающими в зарубежных университетах, и научными сотрудниками, выполняющими совместные научные проекты (в 2015 году ИЦиГ СО РАН посетили 79 зарубежных ученых, 22 ученых приняли участие в международных конференциях, проведенных ИЦиГ СО РАН, за границу выезжали 78 сотрудников ИЦиГ СО РАН (24 сотрудника – для работы, 54 сотрудника – для участия в конференциях). В рамках базового сценария Программы развития эта работа будет проводиться в плановом режиме, и специальные мероприятия по ее расширению не предусмотрены.

договора о сотрудничестве с крупными зарубежными центрами (как для выполнения целевых научных проектов, так и рамочные – для определения взаимно интересующих тематик и оптимальных форм взаимодействия). В 2014–2015 годах ИЦиГ СО РАН участвовал в 21 действующем международном соглашении о сотрудничестве.

Г) Стажировки научных работников ИЦиГ СО РАН.

Эта часть работы по международной деятельности особенно важна в плане обучения специалистов новым методам проведения экспериментов и работе на новейшем оборудовании. В 2015 году 4 сотрудника ИЦиГ СО РАН работали по 2 месяца и более в зарубежных научных организациях: Университет Оксфорда (Великобритания); Хэйлуцзянский государственный университет (Китайская Народная Республика); Европейский институт биологии старения – ERIBA (Нидерланды, Гронинген); Медицинский университет Вены (Австрия). В рамках Программы развития планируется существенно расширять стажировки.

2.3. Основные ожидаемые результаты и направления их использования

2.3.1. Задача 1: Выполнение исследовательской программы

Ожидаемые результаты выполнения исследовательских проектов приведены в разделе 2.2.1. По другим мероприятиям рассмотрены основные ожидаемые результаты базового сценария Программы развития, выполнение которых основано на имеющихся финансовых ресурсах (государственное задание, целевые субсидии ФАНО России, внебюджетные источники) и лимитов на выполнение Программы развития, доведенных до ИЦиГ СО РАН.

2.3.2. Задача 2: Повышение эффективности использования имущественного комплекса

Ожидаемые результаты: (а) Существенное усиление приборно-методической базы за счет возможности полногеномного и полнотранскриптомного секвенирования. Приобретение секвенатора позволит планировать комплексные исследовательские проекты с возможностью выполнения всех ключевых молекулярно-биологических методов (геномика, транскриптомика, протеомика, метаболомика, работа с разными генетическими моделями и объектами (растения, животные, микроорганизмы).

В распоряжении института есть современные приборы для протеомного и метаболомного анализа, приобретение секвенатора усилит возможности проведения работ в области геномики и транскриптомики. Кроме системы высокопроизводительного секвенирования NextSeq® 550 Sequencing System (ILLUMINA INC., Сингапур), планируется закупить следующее высокотехнологичное оборудование: устройство секвенирования ДНК «Нанофор-05» (производитель ИАП РАН, Санкт-Петербург, Россия), система хранения в жидком азоте Locator 6 PLUS в комплекте с роликовой подставкой и криобоксами (3 штуки) (Thermo Ficher Inc, Германия), электроэнцефалограф «Нейровизор 136» (ООО «Медицинские Компьютерные Системы», Россия).

(б) Приобретение сельхозтехники (каток кольчато-шпоровый ККШ-9,2 (520 мм), Россия (2 штуки); сцепка прицепная гидрофицированная СГ-14, Россия (1 штука); культиватор прицепной для сплошной обработки почвы КПС-4У, Россия (2 штуки); плуг чизельный ПЧ-4,5, Россия (1 штука); трактор Беларус-82.1 (ОАО «МТЗ», Республика Беларусь) (2 штуки)) позволит обновить парк и сократить расходы на топливо и ремонт, а также значительно повысит надежность проведения полевых работ на экспериментальных полях. Для обработки выращенного зерна планируется закупить «Комплект оборудования для модернизации зерноочистительного комплекса первичной и триерной очистки зерна», Россия; а для выведения новых сортов картофеля – «Аэропонный комплекс для выращивания безвирусных сортов картофеля» (Россия).

(в) Проведение капитального ремонта и реконструкции позволит решить ряд насущных проблем в сфере стабильности энергоснабжения центральной площадки ИЦиГ СО РАН, ремонт помещений служб (капитальный ремонт несущих стен центрального склада ИЦиГ СО РАН по адресу 630090, г. Новосибирск, проспект Академика Лаврентьева 6/6; капитальный ремонт комнат № 16, 14 и туалетного помещения в корпусе по адресу 6300990, г. Новосибирск, проспект Академика Лаврентьева, 6/2 и помещения мужского туалета (1-й этаж) по адресу 630090, г. Новосибирск, проспект Академика Лаврентьева, 6. Капитальный ремонт двух помещений исследовательского корпуса СибНИИРС – филиала ИЦиГ СО РАН под установку аэропонной установки. Капитальный ремонт помещений Центрального склада (первый этап – зона хранения реактивов). Капитальный ремонт системы навозоудаления (левая половина) звероферм ИЦиГ СО РАН. Сооружение временного теплого перехода между корпусами ИЦиГ СО РАН (капитальный ремонт коридоров и крылец 2 и 4 корпусов ИЦиГ СО РАН с элементами перепланировки) позволит повысить надежность экспериментов, так как экспериментальные животные, растения и биологические

образцы могут перемещаться между лабораториями и центрами коллективного пользования (далее – ЦКП) в условиях стабильного температурного режима.

2.3.3. Задача 3: Подготовка высококвалифицированных научных работников для осуществления мероприятий программы развития

Ожидаемые результаты связаны с организацией магистратуры ИЦиГ СО РАН для обучения молодых ученых на базе имеющейся высокотехнологичной инфраструктуры и оборудования. Введение магистратуры позволит повысить кадровый потенциал, стабильность и качество подготовки молодых специалистов.

2.3.4. Задача 4: Международная деятельность

Ожидаемые результаты связаны с развитием ряда международных лабораторий и лабораторий с международным участием, что позволит существенно усилить выполнение исследовательских проектов 2, 3, 4. Участие в международном консорциуме по секвенированию генома пшеницы является важным элементов работы по исследовательскому проекту 1. Наконец, регулярная организация двух международных конференций и школы молодых ученых на базе ИЦиГ СО РАН является важным мероприятием в плане обмена идеями и знаниями с широким кругом лучших специалистов в области генетики и системной биологии.

2.4. Потенциальные партнеры программы развития ИЦиГ СО РАН

Исследовательский проект 1 «Генетическая платформа для решения задач селекции растений: фундаментальные исследования и прикладные разработки»

В Программе развития ИЦиГ СО РАН планируется проведение исследований по ИП1 совместно с рядом международных научно-исследовательских институтов (далее – НИИ) в рамках консорциума по секвенированию генома мягкой пшеницы; кроме этого налажено сотрудничество с НИИ Франции (институтами INRA), Германии (IPK, Гатерслебен), Японии (Университет Тохоку) и других развитых стран. Планируется наладить сотрудничество с НИИ стран БРИКС (Китай, Индия).

В Российской Федерации налажено сотрудничество с Федеральным государственным бюджетным научным учреждением «Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова» (далее – ВИР), Федеральным государственным бюджетным научным учреждением «Всероссийский научно-исследовательский институт картофельного хозяйства имени А.Г. Лорха» (далее – ВНИИКХ), Федеральным государственным бюджетным научным учреждением «Всероссийский научно-исследовательский институт сельскохозяйственной биотехнологии» (далее – ВНИИСБ), Центром «Биоинженерия» Российской академии наук, а также рядом селекционных центров.

Исследовательский проект 2 «Молекулярная генетика и клеточная биология»

Получен Мегагрант Министерства образования и науки Российской Федерации по теме: «Идентификация генов, ответственных за функции и патологии мозга, на основе экспериментального исследования и биоинформатической реконструкции генных сетей нейробиологических процессов» (под руководством ведущего зарубежного ученого – профессора Е.И. Рогаева, США).

Подписано Соглашение о научном сотрудничестве в форме Международной исследовательской лаборатории «Молекулярные механизмы регенерации» между ИЦиГ СО РАН и Университетским медицинским центром Гронингена, Нидерланды. Задачей этой лаборатории является развитие плоского червя Macrostomum lignano в качестве модельного организма для исследования стволовых клеток и регенерации. «Исследование разнообразия кариотипов в лабораторных линиях и культурах, а также природных популяциях модельного организма M. lignano и его близкородственных видов». Ведется работа совместно с группой эволюционной биологии Зоологического

института Университета Базеля, г. Базель, Швейцария (профессор Лукас Шарер) – был выполнен ряд работ, посвященных исследованию разнообразия кариотипов в лабораторных линиях и культурах, а также природных популяциях модельного организма *M. lignano* и его близкородственных видов, а также был поставлен ряд экспериментов, направленных на изучение феномена кариотипической нестабильности. Полученные данные открывают новые перспективы для использования *M. lignano* для изучения механизмов дозовой компенсации генов, а также эволюции кариотипа в пределах рода *Macrostomum*.

Создана Международная лаборатория молекулярных механизмов нейропатологии между ИЦиГ СО РАН и Оксфордским Университетом (Великобритания), Институтом радиационной онкологии и биологии имени Грэя. Работы этой лаборатории направлены на развитие инновационных стратегий в молекулярной диагностике нервных расстройств, связанных с репарацией ДНК. В Российской Федерации налажено сотрудничество с Федеральным государственным бюджетным учреждением науки «Институт общей генетики имени Н.И. Вавилова Российской академии наук» (далее – ИОГен), МГУ, Центром «Биоинженерия» Российской академии наук, Федеральным государственным бюджетным учреждением науки «Институт цитологии Российской академии наук», Федеральным государственным бюджетным учреждением «Сибирский федеральный биомедицинский исследовательский центр имени академика Е.Н. Мешалкина» Министерства здравоохранения Российской Федерации (далее – ФГБУ «СФБМИЦ им. ак. Е.Н. Мешалкина» Минздрава России).

Исследовательский проект 3 «Генетические основы биотехнологий и биоинформатика»

Проект тесно интегрирован в российскую научно-прикладную индустрию знаний. Так, по обмену и исследованию штаммов микроорганизмов в рамках проекта налажено сотрудничество с коллекцией микроорганизмов Федерального государственного бюджетного учреждения науки Институт биохимии и физиологии микроорганизмов им. Г.К. Скрябина Российской академии наук, Федеральным государственным бюджетным учреждением науки Институт нефтегазовой геологии и геофизики им. А.А. Трофимука Сибирского отделения Российской академии наук, Федеральным государственным бюджетным учреждением науки Лимнологический институт Сибирского отделения Российской академии наук (Иркутск), Федеральным государственным бюджетным учреждением науки Институт биологических проблем криолитозоны Сибирского отделения Российской академии наук (Якутск), Федеральным государственным бюджетным учреждением науки Институт общей и экспериментальной биологии Сибирского отделения Российской академии наук (Улан-Удэ), по физиологическому описанию и секвенированию геномов штаммов – с Федеральным государственным учреждением «Федеральный исследовательский центр «Фундаментальные основы биотехнологии» Российской академии наук» (ФИЦ Биотехнологии РАН) и Федеральным государственным бюджетным образовательным учреждением высшего образования «Московский государственный университет имени М.В.Ломоносова», по описанию метагеномов – с Институтом биофизики Сибирского отделения Российской академии наук – обособленным подразделением ФИЦ КНЦ СО РАН (Красноярск). Определение элементного состава растительного сырья или продуктов его переработки методом рентгено-фазового анализа проводится в Федеральном государственном бюджетном учреждении науки Институт ядерной физики им. Г.И. Будкера Сибирского отделения Российской академии наук. По переработке биомассы мискантуса ИЦиГ СО РАН сотрудничает с Федеральным государственным бюджетным учреждением науки Институт проблем химико-энергетических технологий Сибирского отделения Российской академии наук (Бийск) и

Федеральным государственным бюджетным учреждением науки Институт катализа им. Г.К. Борескова Сибирского отделения Российской академии наук.

Из зарубежных организаций исполнители проекта постоянно взаимодействуют с Leibniz Institute DSMZ-German Collection of Microorganisms and Cell Cultures (Германия) – по штаммам микроорганизмов. Целый список зарубежных организаций находятся во взаимодействии с ИЦиГ СО РАН по мискантусу: TEAGASC – Agriculure and food development authority, TCD, The circa group Europe limited (Ирландия), Sveriges lantbruksuniversitet (Швеция), Aarhus universitet, DLF-trifolium a/s (Дания), Tinplant biotechnik und pflanzenvermehrung Gmbh (Германия), Shanghai institutes for biological sciences, Chinese Academy of Sciences (People's Republic of China (Китайская Народная Республика), Knowledge now limited, The University of Sheffield (Великобритания), Institut genetyki roslin Polskiej Akademi nauk (Польша).

В работах по биоинформатике исследования проводятся совместно с рядом международных научно-исследовательских институтов в рамках консорциума по секвенированию генома мягкой пшеницы; налажено сотрудничество с научно-исследовательскими институтами Франции (институтами INRA); Германии (IPK, Гатерслебен; Университет Билефельда; Университет Отто фон Герике, Магдебург; Галле-Виттенбергский университет, Галле; Гейдельбергский институт теоретических исследований, Гейдельберг); Индии (Институт геномики и интегративной биологии, Дели); Японии (Университет Tohoku). Планируется наладить сотрудничество с научно-исследовательскими институтами стран БРИКС (Китай, Индия), в частности, с организациями Китайской Народной Республики: Университет Чжецзян, г. Хачжоу и Аграрный университет Хуажонг, г. Ухань. Ведется тесное сотрудничество с ведущими научными учреждениями России: Центром «Биоинженерия» РАН, Национальным исследовательским центром «Курчатовский институт», МГУ, Федеральным государственным автономным образовательным учреждением высшего образования «Санкт-Петербургский политехнический университет Петра Великого», Федеральным государственным бюджетным учреждением науки «Институт общей генетики имени Н.И. Вавилова Российской академии наук», Федеральным государственным бюджетным научным учреждением «Институт биомедицинской химии им. В.Н. Ореховича». В рамках проекта будет налажено сотрудничество с ВИР, ВНИИКХ, ВНИИСБ, а также рядом селекционных центров.

Исследовательский проект 4 «Генетика человека и животных»

В Российской Федерации налажено сотрудничество с биологическими, медико-биологическими, химическими, физическими институтами, ФАНО России, Министерством образования и науки Российской Федерации и университетами. Международное сотрудничество – The Jackson Laboratory (США), Riken (Япония), Токийский университет (Япония), Charles River (Франция), Университет Münster (Германия). Планируемое сотрудничество – Медицинский центр Университета Эразмус (Нидерланды).

2.5. Риски реализации программы развития

Риски Программы развития связаны с (1) изменениями условий финансирования со стороны ФАНО России или ослаблением курса рубля и связанными с этим обстоятельством проблемами в закупках импортных реактивов и приборов, не имеющих отечественных аналогов. (2) В отдельных частях исследовательских проектов возможны риски в виде задержек в получении запланированных результатов вследствие того, что процесс исследования в принципе может приводить к изменению и развитию существовавших на момент планирования научной работы представлений о структуре и свойствах изучаемых объектов и феноменов и к связанной с этим коррекции планов проведения исследований и ожидаемых результатов. (3) Существуют

риски, связанные с влиянием сезонных девиаций климатических факторов на выполнение мероприятий по исследовательскому проекту 1, в рамках которого проводятся полевые испытания сельскохозяйственных растений, а также семеноводство для внедрения разработанных новых сортов сельскохозяйственных растений. Неблагоприятные условия могут приводить к срыву полевых экспериментов и задержкам в получении данных, переносу экспериментов на следующий сезон. Эти риски относятся к форс-мажорным обстоятельствам или к сущностной природе научной работы.

Раздел 3. План реализации программы развития ИЦиГ СО РАН

Наименование мероприятия	Планируемый срок выполнения работ		Ожидаемые результаты					Ответственные за исполнение мероприятия
	На-чало	Заверше-ние	2016 год	2017 год	2018 год	2019 год	2020 год	
1	2	3	4	5	6	7	8	9
Задача 1: Актуализация исследовательской программы ИЦиГ СО РАН: повышение эффективности проведения фундаментальных исследований и инновационных разработок, участие в международных проектах								
Выполнение исследовательских проектов 1-4 (ИП1 – ИП4)	2016	2020	Новые знания механизмов генетического контроля формирования признаков растений, животных, человека; новые генетические, клеточные и биоинформатические технологии; новые биотехнологии; новые сорта - сельскохозяйственных растений*.	Новые знания механизмов генетического контроля формирования признаков растений, животных, человека; новые генетические, клеточные и биоинформатические технологии; новые биотехнологии; новые сорта сельскохозяйственных растений*.	Новые знания механизмов генетического контроля формирования признаков растений, животных, человека; новые генетические, клеточные и биоинформатические технологии; новые биотехнологии; новые сорта сельскохозяйствен-ных растений*.	Новые знания механизмов генетического контроля формирования признаков растений, животных, человека; новые генетические, клеточные и биоинформатические технологии; новые биотехнологии; новые сорта сельскохозяйственных растений*.	Новые знания механизмов генетического контроля формирования признаков растений, животных, человека; новые генетические, клеточные и биоинформатические технологии; новые биотехнологии; новые сорта сельскохозяйственных растений*.	Н.А.Колчанов, А.В.Кочетов, М.П.Мошкин, Т.И.Меркулова
Задача 2. Повышение эффективности использования имущественного комплекс								
1) Развитие высокотехнологичной приборной базы	2016	2020	Закупка секвенатора Illumina NextSeq 550 и создание нейролаборатории	Обновление IT-инфраструктуры	Обновление ЦКП микроскопических исследований	Обновление оборудования ЦКП генетических ресурсов	Обновление оборудования лаборатории искусственного выращивания растений	Н.А.Колчанов, С.Е.Пельтек, О.Г.Чалков, С.В.Лаврюшев
2) Капитальный ремонт инфраструктуры	2016	2020	Зерносушильный комплекс, складские помещения, временный переход между корпусами	Серверные, звероферма, хим. Лаборатории и помещения для занятий студентов	откормочное сельскохозяйствен-ное предприятие (далее – ОСХП) (комплекс помещений)	Реконструкция зданий главной площадки ФИЦ	Реконструкция зданий главной площадки ФИЦ	О.Г.Чалков, С.В.Лаврюшев
3) Приобретение дополнительной сельскохозяйственной техники	2016	2018	Техника для селекционных опытов		Техника для ОСХП			И.Е.Лихенко, О.Г. Чалков
Задача 3. Подготовка высококвалифицированных научных работников для осуществления мероприятий программы развития								
Развитие кадрового потенциала и управление кадровыми ресурсами	2016	2020	Создание кадрового резерва ИЦиГ СО РАН, баланс возрастных групп	Развитие кадрового резерва ИЦиГ СО РАН	Развитие кадрового резерва ИЦиГ СО РАН	Развитие кадрового резерва ИЦиГ СО РАН	Развитие кадрового резерва ИЦиГ СО РАН	Н.А.Колчанов
Подготовка студентов по программам бакалавриата, специалитета и магистратуры	2016	2020	Развитие взаимодействия с НГУ, НГАУ, НГМУ и другими высшими учебными	Развитие взаимодействия с НГУ, НГАУ, НГМУ и	Развитие взаимодействия с НГУ, НГАУ, НГМУ	Развитие взаимодействия с НГУ, НГАУ, НГМУ и	Развитие взаимодействия с НГУ, НГАУ, НГМУ и другими	Н.А.Колчанов, А.В.Кочетов

1	2	3	4	5	6	7	8	9
совместно с вузами			заведениями (далее – ВУЗами)	другими ВУЗами	и другими ВУЗами	другими ВУЗами	ВУЗами	
Открытие собственной магистратуры (участие в пилотном проекте ФАНО)	2017	2020		создание магистратуры	Развитие магистратуры ИЦиГ СО РАН	Развитие магистратуры ИЦиГ СО РАН	Развитие магистратуры ИЦиГ СО РАН	Н.А.Колчанов Н.В.Рубцова, Ю.М.Зыбарев
Аспирантура ИЦиГ СО РАН	2016	2020	Развитие аспирантуры ИЦиГ СО РАН	Развитие аспирантуры ИЦиГ СО РАН	Развитие аспирантуры ИЦиГ СО РАН	Развитие аспирантуры ИЦиГ СО РАН	Развитие аспирантуры ИЦиГ СО РАН	Н.В.Рубцова, А.В.Кочетов
Задача 4. Международная деятельность								
Организация международных конференций и семинаров	2016	2020	Проведение BGRS/SB, симпозиум по прод. безопасности, школы молодых ученых SBB	Симпозиум PlantGene, школа молодых ученых SBB	Проведение BGRS/SB, школы молодых ученых SBB	Симпозиум PlantGene, школа молодых ученых SBB	Проведение BGRS/SB, школы молодых ученых SBB	Г.В. Орлова
Стажировки научных работников ИЦиГ СО РАН	2016	2020	2 стажировки	2 стажировки	3 стажировки	3 стажировки	4 стажировки	Г.В. Орлова

*Таблица соответствия ожидаемых результатов по исследовательским проектам ИП1 – ИП4 в 2016-2020 годах и пунктов в проекте Программы развития ИЦиГ СО РАН с их подробным описанием приведена ниже.

Таблица соответствия ожидаемых результатов по 2016-2020 годам и пунктов в проекте Программы развития ИЦиГ СО РАН с их подробным описанием.

Исследовательский проект	Описание ожидаемых результатов по базовому сценарию программы развития	Описание ожидаемых результатов по перспективному сценарию программы развития
Исследовательский проект 1 «Генетическая платформа для решения задач селекции растений: фундаментальные исследования и прикладные разработки»	Раздел проекта Программы развития 2.2.1 стр. 18-20 Пояснительная записка, раздел 3.4 стр. 20-21	Пояснительная записка раздел 3.4 стр. 22
Исследовательский проект 2 «Молекулярная генетика и клеточная биология»	Раздел проекта Программы развития 2.2.1 стр. 21-24 Пояснительная записка раздел 3.4 стр. 22	Пояснительная записка раздел 3.4 стр. 23
Исследовательский проект 3 «Генетические основы биотехнологий и биоинформатика»	Раздел проекта Программы развития 2.2.1 стр. 26-32 Пояснительная записка раздел 3.4 стр. 23	Пояснительная записка раздел 3.4 стр. 24
Исследовательский проект 4 «Генетика человека и животных»	Раздел проекта Программы развития 2.2.1 стр. 34-38 Пояснительная записка раздел 3.4 стр. 25	Пояснительная записка раздел 3.4 стр. 19

Раздел 4. Исследовательская программа ИЦиГ СО РАН

Код исследовательского проекта			Содержание работы (наименование тем исследований/ научная, научно-исследовательская работа)	Планируемый срок выполнения работ		Ожидаемые результаты					Наименование организаций – соисполнителей научных работ
Программа фундаментальных научных исследований государственных академий наук	Указ Президента Российской Федерации № 899	№ п/п		Начало	Завершение	2016 год	2017 год	2018 год	2019 год	2020 год	
1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
Задача 1. Актуализация исследовательской программы ИЦиГ СО РАН: повышение эффективности проведения фундаментальных исследований и инновационных разработок, участие в международных проектах											
ПФНИ053	П04, П06	1	Исследовательский проект 1 «Генетическая платформа для решения задач селекции растений: фундаментальные исследования и прикладные разработки».	2016	2020	Новые знания механизмов генетического контроля формирования признаков растений; новые генетические технологии маркер-ориентированной и геномной селекции; новые сорта сельскохозяйственных растений*.	Новые знания механизмов генетического контроля формирования признаков растений; новые генетические технологии маркер-ориентированной и геномной селекции; новые сорта сельскохозяйственных растений*.	Новые знания механизмов генетического контроля формирования признаков растений; новые генетические технологии маркер-ориентированной и геномной селекции; новые сорта сельскохозяйственных растений*.	Новые знания механизмов генетического контроля формирования признаков растений; новые генетические технологии маркер-ориентированной и геномной селекции; новые сорта сельскохозяйственных растений*.	Новые знания механизмов генетического контроля формирования признаков растений; новые генетические технологии маркер-ориентированной и геномной селекции; новые сорта сельскохозяйственных растений*.	ВИР, Институт генетики и цитологии Национальной академии наук Беларуси (ИГиЦ НАНБ), Сибирский НИИ экономики сельского хозяйства (СФНЦА РАН), НГАУ, НГУ, INRA, IPK Gatersleben
ПФНИ060	П04	2	Исследовательский проект 2 «Молекулярная генетика и клеточная биология».	2016	2020	Новые знания механизмов генетического контроля формирования признаков животных, человека; новые генетические и клеточные технологии*.	Новые знания механизмов генетического контроля формирования признаков животных, человека; новые генетические и клеточные технологии*.	Новые знания механизмов генетического контроля формирования признаков животных, человека; новые генетические и клеточные технологии*.	Новые знания механизмов генетического контроля формирования признаков животных, человека; новые генетические и клеточные технологии*.	Новые знания механизмов генетического контроля формирования признаков животных, человека; новые генетические и клеточные технологии*.	Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова РАН (ИОГен РАН), Центр «Биоинженерия» РАН, Институт цитологии РАН, ФГБУ «СФБМИЦ им. ак. Е.Н. Мешалкина» Минздрава России
ПФНИ061	П03, П04	3	Исследовательский проект 3 «Генетические основы биотехнологий и биоинформатика».	2016	2020	Новые знания в области генетических основ биотехнологий и биоинформатике/системной компьютерной биологии; новые биоинформатические технологии; новые биотехнологии*.	Новые знания в области генетических основ биотехнологий и биоинформатике/системной компьютерной биологии; новые биоинформатические технологии; новые биотехнологии*.	Новые знания в области генетических основ биотехнологий и биоинформатике/системной компьютерной биологии; новые биоинформатические технологии; новые биотехнологии*.	Новые знания в области генетических основ биотехнологий и биоинформатике/системной компьютерной биологии; новые биоинформатические технологии; новые биотехнологии*.	Новые знания в области генетических основ биотехнологий и биоинформатике/системной компьютерной биологии; новые биоинформатические технологии; новые	Институт биохимии и физиологии микроорганизмов им. Г.К. Скрябина РАН (ИБФМ РАН), Лимнологический институт СО РАН (ЛИН СО РАН), Институт

1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
										биотехнологии*	биологических проблем криолитозоны СО РАН (ИБПК СО РАН), Институт ядерной физики имени Г.И. Будкера Сибирского отделения Российской академии наук (ИЯФ СО РАН), Институт катализа им. Г. К. Борескова Сибирского отделения Российской академии наук (ИК СО РАН), Оксфордский университет
ПФНИ058	П04	4	Исследовательский проект 4 «Генетика человека и животных».	2016	2020	Новые знания механизмов генетического контроля формирования признаков животных и человека; новые генетические модели лабораторных животных; новые генетические технологии*.	Новые знания механизмов генетического контроля формирования признаков животных и человека; новые генетические модели лабораторных животных; новые генетические технологии*.	Новые знания механизмов генетического контроля формирования признаков животных и человека; новые генетические модели лабораторных животных; новые генетические технологии*.	Новые знания механизмов генетического контроля формирования признаков животных и человека; новые генетические модели лабораторных животных; новые генетические технологии*.	Новые знания механизмов генетического контроля формирования признаков животных и человека; новые генетические модели лабораторных животных; новые генетические технологии*.	Jackson Lab (USA), RIKEN (Japan), Университет Токио, НГУ, МГУ, Институт автоматики и электрометрии СО РАН (ИАиЭ СО РАН), ИХБиФМ СО РАН

Раздел 5. Финансовое обеспечение реализации программы развития ИЦиГ СО РАН

№ п/п	Код исследовательского проекта	Наименования мероприятий и источники финансирования	Отчетный год	Текущий год	Плановый период				
			(тыс. руб.)	(тыс. руб.)	(тыс. руб.)				
			2015 год	2016 год	2016 год	2017 год	2018 год	2019 год	2020 год
1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
1		Задача 1. Актуализация исследовательской программы ФИЦ ИЦиГ СО РАН: повышение эффективности проведения фундаментальных исследований и инновационных разработок, участие в международных проектах	649 602,60	611 421,90	611 421,90	628 624,50	628 624,50	604 624,50	604 624,50
2	ПФНИ053П04 ПФНИ053П06	Мероприятие 1.1	176 192,0	165 921,9	165 921,9	171 656,1	171 656,1	163 656,1	163 656,1
3		Исследовательский проект «Генетическая платформа для решения задач селекции растений: фундаментальные исследования и прикладные разработки»							
4		в том числе:							
5		субсидии на выполнение государственного задания	121 026,4	113 656,1	113 656,1	121 656,1	121 656,1	113 656,1	113 656,1
6		субсидии на иные цели	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
7		субсидии на осуществление капитальных вложений	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
8		иной источник поступлений	55 165,60	52 265,80	52 265,80	50 000,00	50 000,00	50 000,00	50 000,00
9	ПФНИ060П04	Мероприятие 1.2.	102 619,20	96 599,70	96 599,70	99 466,80	99 466,80	95 466,80	95 466,80
10		Исследовательский проект «Молекулярная генетика и клеточная биология»							
11		в том числе:							
12		субсидии на выполнение государственного задания	75 036,40	70 466,80	70 466,80	74 466,80	74 466,80	70 466,80	70 466,80
13		субсидии на иные цели	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
14		субсидии на осуществление капитальных вложений	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
15		иной источник поступлений	27 582,80	26 132,90	26 132,90	25 000,00	25 000,00	25 000,00	25 000,00
16	ПФНИ061П03 ПФНИ061П04	Мероприятие 1.3.	102 619,20	96 599,70	96 599,70	99 466,80	99 466,80	95 466,80	95 466,80
17		Исследовательский проект «Генетические основы биотехнологий и биоинформатика»							
18		в том числе:							
19		субсидии на выполнение государственного задания	75 036,40	70 466,80	70 466,80	74 466,80	74 466,80	70 466,80	70 466,80
20		субсидии на иные цели	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
21		субсидии на осуществление капитальных вложений	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
22		иной источник поступлений	27 582,80	26 132,90	26 132,90	25 000,00	25 000,00	25 000,00	25 000,00
23	ПФНИ058П04	Мероприятие 1.4.	268 172,20	252 300,60	252 300,60	258 034,80	258 034,80	250 034,80	250 034,80

1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
24		Исследовательский проект «Генетика человека и животных»							
25		в том числе:							
26		субсидии на выполнение государственного задания	213 006,60	200 034,80	200 034,80	**208 034,80**	**208 034,80**	200 034,80	200 034,80
27		субсидии на иные цели	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
28		субсидии на осуществление капитальных вложений	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
29		иной источник поступлений	55 165,60	52 265,80	52 265,80	50 000,00	50 000,00	50 000,00	50 000,00
30	ПФНИ053П04 ПФНИ053П06 ПФНИ060П04 ПФНИ061П03 ПФНИ061П04 ПФНИ058П04	Задача 2. Повышение эффективности использования имущественного комплекса и научной инфраструктуры	24 456,7	148 663,7	148 663,7	387 500,0	262 475,0	198 000,0	163 000,0
31		Мероприятие 2.1.	0,0	0,0	0,0	220 500,0	113 600,0	65 000,0	30 000,0
32		Реконструкция объектов инфраструктуры							
33		в том числе:							
34		субсидии на выполнение государственного задания	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
35		субсидии на иные цели	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
36		субсидии на осуществление капитальных вложений	0,0	0,0	0,0	220 500,0	113 600,0	65 000,0	30 000,0
37		иной источник поступлений	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
38		Мероприятие 2.2.	0,0	40 806,2	40 806,2	25 000,0	17 875,0	15 000,0	15 000,0
39		Капитальный ремонт объектов инфраструктуры							
40		в том числе:							
41		субсидии на выполнение государственного задания	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
42		субсидии на иные цели	0,0	40 806,2*	40 806,2	25 000,0	17 875,0	0,0	0,0
43		субсидии на осуществление капитальных вложений	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
44		иной источник поступлений	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	15 000,0	15 000,0
45		Мероприятие 2.3. Обновление и развитие научной инфраструктуры для поддержки всех этапов осуществления исследовательской программы и проектов полного цикла	24 456,7	107 857,5	107 857,5	142 000,0	131 000,0	118 000,0	118 000,0
46		в том числе:							
47		субсидии на выполнение государственного задания	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
48		субсидии на иные цели	2 760,1	88 125,00	88 125,00	24 000,0	13 000,0	0,0	0,0
49		субсидии на осуществление капитальных вложений	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
50		иной источник поступлений	21 696,6	19 732,5	19 732,5	118 000,0	118 000,0	118 000,0	118 000,0

1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
51	ПФНИ053П04 ПФНИ053П06 ПФНИ060П04 ПФНИ061П03 ПФНИ061П04 ПФНИ058П04	Задача 3. Подготовка высококвалифицированных научных работников для осуществления мероприятий программы развития	16 762,5	12 548,4	12 548,4	36 350,0	35 850,0	32 850,0	**32 850,0**
52		Мероприятие 3.1.	0,0	0,0	0,0	6 350,0	3 850,0	3 850,0	3 850,0
53		Подготовка студентов по программам бакалавриата, специалитета и магистратуры совместно с образовательными организациями – университетами							
54		в том числе:							
55		субсидии на выполнение государственного задания	0,0	0,0	0,0	2 500,00	0,0	0,0	0,0
56		субсидии на иные цели	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
57		субсидии на осуществление капитальных вложений	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
58		иной источник поступлений	0,0	0,0	0,0	3 850,0	3 850,0	3 850,0	3 850,0
59		Мероприятие 3.2.	0,0	0,0	0,0	8 744,0	9 376,1	6 982,4	6 561,1
60		Открытие собственной магистратуры (участие в пилотном проекте Федерального агентства научных организаций)							
61		в том числе:							
62		субсидии на выполнение государственного задания	0,0	0,0	0,0	2 000,00	2 000,00	0,0	0,0
63		субсидии на иные цели	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
64		субсидии на осуществление капитальных вложений	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
65		иной источник поступлений	0,0	0,0	0,0	6 744,0	7 376,1	6 982,4	6 561,1
66		Мероприятие 3.3.	4 762,5	2 548,4**	2 548,4	7 256,0	8 623,9	8 017,6	8 438,9
67		Развитие аспирантуры ФИЦ ИЦиГ СО РАН							
68		в том числе:							
69		субсидии на выполнение государственного задания	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
70		субсидии на иные цели	4 762,5	2 548,4	2 548,4	0,0	0,0	0,0	0,0
71		субсидии на осуществление капитальных вложений	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
72		иной источник поступлений	0,0	0,0	0,0	7 256,0	8 623,9	8 017,6	8 438,9
73		Мероприятие 3.4.	12 000,0	10 000,0	10 000,0	14 000,0	14 000,0	14 000,0	14 000,0
74		Программа академической мобильности (постдоки, зарубежные исследователи, аспиранты)							
75		в том числе:							
76		субсидии на выполнение государственного задания	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
77		субсидии на иные цели	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
78		субсидии на осуществление капитальных вложений	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
79		иной источник поступлений	12 000,0	10 000,0	10 000,0	14 000,0	14 000,0	14 000,0	14 000,0

1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
80	ПФНИ053П04 ПФНИ053П06 ПФНИ060П04 ПФНИ061П03 ПФНИ061П04 ПФНИ058П04	Задача 4. Международная деятельность	0,0	3 700,0	3 700,0	3 500,0	6 500,0	3 000,0	**6 000,0**
81		Мероприятие 4.1.	0,0	3 700,0	3 700,0	3 500,0	6 500,0	3 000,0	6 000,0
82		в том числе:							
83		субсидии на выполнение государственного задания	0,0	0,0	0,0	1 000,00	2 000,00	0,0	0,0
84		субсидии на иные цели	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
85		субсидии на осуществление капитальных вложений	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
86		иной источник поступлений	0,0	3 700,0	3 700,0	2 500,0	4 500,0	3 000,0	6 000,0
87		**ИТОГО:**	**690 821,8**	**776 334,0**	**776 334,0**	**1 055 974,5**	**933 449,5**	**838 474,5**	**806 474,5**
88		в том числе:							
89		субсидии на выполнение государственного задания	**484 105,8**	**454 624,5**	**454 624,5**	**484 124,5**	**482 624,5**	**454 624,5**	**454 624,5**
90		субсидии на иные цели	**7 522,6**	**131 479,6*****	**131 479,6**	**49 000,0**	**30 875,0**	**0,0**	**0,0**
91		субсидии на осуществление капитальных вложений	**0,0**	**0,0**	**0,0**	**220 500,0**	**113 600,0**	**65 000,0**	**30 000,0**
92		иной источник поступлений	**199 193,4**	**190 229,9**	**190 229,9**	**302 350,0**	**306 350,0**	**318 850,0**	**321 850,0**

***** из них 30 806,2 тыс. руб. за счет Целевой субсидии на кап. ремонт (007004), выделенной ИЦиГ СО РАН до 01 июля 2016 года

** целевая субсидия на стипендию для аспирантов (007007), выделенная ИЦиГ СО РАН до 01 июля 2016 года (2 548,40 тыс. руб.)

*** в 2016 году по программе развития 98 125,00 тыс. руб. из средств субсидий на иные цели.

Сведения о распределении субсидий на иные цели в приложении к Программе развития.

Объем бюджетных ресурсов на финансовое обеспечение выполнения государственного задания на оказание государственных услуг (выполнение работ) и предоставление субсидии на иные цели, не связанные с финансовым обеспечением выполнения государственного задания на оказание государственных услуг (выполнение работ), подлежит ежегодной корректировке в течение 1 месяца после утверждения Федерального закона о Федеральном бюджете на очередной финансовый год и плановый период.

5.2 Запрос на финансирование в пределах доведенного лимита до ИЦиГ СО РАН на выполнение мероприятий Программы развития

Наименование	Сумма (млн рублей)
Финансирование на 2016 год, в том числе:	98,125
ОЦДИ (секвенатор)	75,959
ОЦДИ (сельскохозяйственная техника)	12,166
Капремонт	10,0
Финансирование на 2017 год, в том числе:	78,5

ОЦДИ (ИТ инфраструктура)	24,0
Капремонт	25,0
Реактивы	24,0
Подготовка кадров	4,5
Международная деятельность	1,0
Финансирование на 2018 год, в том числе:	58,875
ОЦДИ (сельскохозяйственная техника)	13,0
Капремонт	17,875
Реактивы	24,0
Подготовка кадров	2,0
Международная деятельность	2,0
Итого по лимитам	235 500

Раздел 6. Целевые показатели (индикаторы) реализации Программы развития ИЦиГ СО РАН

№ п/п	Код исследовательского проекта	Наименование целевого показателя	Ед. изм.	Значение целевого показателя					
				На начало реализации Программы развития (2015 год)	Плановый период				
					2016 год	2017 год	2018 год	2019 год	2020 год
1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
Задача 1: Актуализация исследовательской программы ИЦиГ СО РАН: повышение эффективности проведения фундаментальных исследований и инновационных разработок, участие в международных проектах									
1	ИП1 ПФНИ053 П04, П06 ИП2 ПФНИ060, П04 ИП3 ПФНИ061 П03, П04 ИП4 ПФНИ058 П04	Кол-во публикаций в рецензируемых изданиях	шт.	332	340	345	360	380	400
2	ИП1+ИП2+ИП3+ИП4	Кол-во публикаций в журналах WoS/Scopus	шт.	234	210	220	240	254	256
3	ИП1+ИП2+ИП3+ИП4	Кол-во РИД	шт.	12	11	14	15	15	17
Задача 3: Подготовка высококвалифицированных научных работников для осуществления мероприятий программы развития и кадровая политика									
4	Среднегодовая численность аспирантов в ИЦиГ СО РАН, в том числе обучающихся в соответствии с ФГОС или ФГТ	Кол-во	чел.	69	59	58	77	76	80
Задача 4: Международная деятельность									
5	Кол-во проведенных международных конференций	Кол-во	Ед.	2	2	2	3	3	4
6	Кол-во статей в соавторстве с зарубежными учеными	Кол-во	шт.	37	38	38	39	40	41

Дополнительные индикаторы по развитию кадрового потенциала (майские указы): отношение средней заработной платы научных сотрудников к средней заработной плате в Новосибирской области (далее – НСО) – 200% к 2018 году с сохранением показателя в 2019 году и в 2020 годах.

Удельный вес исследователей в возрасте до 39 лет в общей численности исследователей учреждения к 2020 году – 42,1 %.