

Форма «Т». Титульный лист заявки в Российский научный фонд

Конкурс 2019 года «Проведение исследований на базе существующей научной инфраструктуры мирового уровня» Президентской программы исследовательских проектов, реализуемых ведущими учеными, в том числе молодыми учеными

| | |
|---|--|
| <p>Название проекта Морские виды, объекты промысла и марикультуры, в условиях гибридизации и клональных раковых инфекций</p> | <p>Номер проекта</p> <p>19-74-20024</p>  |
| | <p>Отрасль знания: 04</p> |
| | <p>Основной код классификатора: 04-105 Дополнительные коды классификатора: 04-107 04-101</p> |
| | <p>Код ГРНТИ 34.23.35</p> |
| <p>Фамилия, имя, отчество (при наличии) руководителя проекта: Стрелков Петр Петрович</p> | <p>Контактные телефон и e-mail руководителя проекта: +79219262825, p_strelkov@yahoo.com</p> |
| <p>Полное и сокращенное наименование организации, через которую должно осуществляться финансирование проекта: федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования "Санкт-Петербургский государственный университет" СПбГУ, Санкт-Петербургский государственный университет</p> | |
| <p>Наименование ОИ: Научный парк СПбГУ Научный парк СПбГУ</p> | |
| <p>Объем финансирования проекта в 2019 г. 6000 тыс. руб.</p> | <p>Год начала проекта: 2019</p> <p>Год окончания проекта: 2022</p> |
| <p>Фамилии, имена, отчества (при наличии) основных исполнителей (полностью)</p> | <p>Лайус Дмитрий Людвигович</p> <p>Одинцова Нэлия Адольфовна</p> <p>(руководитель проекта в данной графе не указывается)</p> |
| <p>Гарантирую, что при подготовке заявки не были нарушены авторские и иные права третьих лиц и/или имеется согласие правообладателей на представление в Фонд материалов и их использование Фондом для проведения экспертизы и для обнародования (в виде аннотаций заявок).</p> | |
| <p>Подпись руководителя проекта</p> <p>_____/П.П. Стрелков/</p> <p>Подпись руководителя организации*</p> <p><small>* Либо уполномоченного представителя, действующего на основании доверенности или распорядительного документа. В случае подписания формы уполномоченным представителем организации (в т.ч. – руководителем филиала) к печатному экземпляру заявки прилагается копия распорядительного документа или доверенности, заверенная печатью организации. Непредставление копии распорядительного документа или доверенности в случае подписания формы уполномоченным представителем организации, а также отсутствие расшивки подписи, является основанием недопуска заявки к конкурсу.</small></p> | <p>Дата регистрации заявки 07.10.2018 г.</p> |

| | |
|---|--|
| <div data-bbox="159 112 694 145" data-label="Text"><p>_____ / _____</p></div> <div data-bbox="770 179 1168 212" data-label="Text"><p>Печать (при наличии) организации</p></div> | |
|---|--|

Форма 1. Сведения о проекте

1.1. Название проекта

на русском языке

Морские виды, объекты промысла и марикультуры, в условиях гибридизации и клональных раковых инфекций

на английском языке

Marine commercial species under conditions of hybridization and clonally transmissible cancer

Направление из Стратегии НТР РФ

Н4 Переход к высокопродуктивному и экологически чистому агро- и аквахозяйству, разработка и внедрение систем рационального применения средств химической и биологической защиты сельскохозяйственных растений и животных, хранение и эффективная переработка сельскохозяйственной продукции, создание безопасных и качественных, в том числе функциональных, продуктов питания

Обоснование соответствия тематики проекта направлению из Стратегии НТР РФ: необходимо кратко сформулировать конкретную научную проблему (проблемы) для выбранного направления, решению которой будет посвящен проект, обосновать соответствие проекта направлению

Криптические инвазии, межвидовая гибридизация и неопластические заболевания - это угрозы для аква- и агрохозяйства. До недавнего времени в России и в мире эти угрозы для объектов аквахозяйства недооценивались. В рамках проекта мы изучаем генетическое и популяционно-видовое разнообразие мидий, балтийских ракушек и морских сельдей в северо-восточной Европе, где сельди и мидии являются важными (сельди – важнейшим, FAO, 2014) объектами промысла и марикультуры. В рамках проекта мы разрабатываем, на примере мидий, балтийских ракушек и сельдей методы определения межвидовой гибридизации и гибридов и изучаем паттерны гибридизации в популяциях северо-восточной Европы. В рамках проекта мы разрабатываем методы идентификации неопластического заболевания - трансмиссивного рака (СТС, clonally transmissible cancer) у двустворчатых моллюсков и изучаем распространение, филогенетическое разнообразие и экстенсивность инвазии СТС в популяциях важных объектов аквахозяйства - мидий, сердцевидок, песчаных ракушек, а также балтийской ракушки - вида, используемого как индикатор качества среды.

Поясним значимость этой работы для аквахозяйства на конкретных примерах.

Объем аквакультуры мидий *Mytilus edulis* в Шотландии в начале этого века составлял более 4000 тонн в год, стоимостью порядка 10 миллионов американских долларов (FAO, 2004). В результате криптической инвазии тихоокеанской мидии *M. trossulus* на плантации северной Шотландии в 2004 году доходность марикультуры снизилась на четверть, причем предприятия из районов инвазии обанкротились. Тихоокеанские мидии оказались непригодными для механической обработки на производстве, из-за хрупкости раковин (Beaumont et al. 2008, Diaz et al. 2009). Мы были первыми, кто нашел *M. trossulus* в Белом и Баренцевом морях, а также вдоль океанических побережий Норвегии (Vainola, Strelkov 2011; Katolikova et al. 2016); ранее существовало мнение, что в этих районах обитает только *M. edulis*. В рамках проекта, мы хотим изучить распространение инвазивной мидии *M. trossulus* в северных морях и описать морфологические и экологические фенотипы *M. trossulus* и *M. edulis* в условиях конкуренции и гибридизации. Шотландский опыт показывает, что без таких знаний планирование аквахозяйства мидий в районах сосуществования *M. edulis* и *M. trossulus* невозможно.

В начале века, объем французской аквакультуры мидий (*Mytilus edulis*, *M. galloprovincialis*) варьировал в пределах 71-75 тысяч тонн ежегодно, что в денежном эквиваленте составляло более 100 миллионов американских долларов (Prou, Gouilletquer 2002; FAO, 2014). Потери от вспышки неопластического заболевания 2014 года, предварительно диагностированного как СТС, составили от 90 до 100% для разных хозяйств (Benadelmouna et al. 2014, 2018). Недавним прорывом в исследованиях неоплазий – открытии инфекционного агента СТС у морских животных - мы обязаны подобным вспышкам диссеминантной неоплазии (DN), как оказалось, вызванной СТС, в коммерческих популяциях сердцевидки *Cerastoderma edule* в Испании и песчаной ракушки *Mya arenaria* в США (Metzger et al. 2015, 2016, Carballal et al. 2016). Мы первыми подняли вопрос о разнообразии и распространении диссеминантных неоплазий (DN) в популяциях коммерческих видов морских беспозвоночных и попытались ответить на него на примере девяти обитателей залива Петра Великого Японского моря (Odintsova et al. 2011): заболеваемость оказалась близкой к «фоновой», 0-15% для разных объектов. Теперь, обогащенные новым знанием о природе DN (СТС), мы хотим продолжить эту работу на примере обитателей северных морей России, - единственного района океана, где все модельные объекты исследований СТС встречаются вместе, и который максимально приближен к атлантическому «театру военных действий» с СТС. Безотносительно природы DN, DN - это одна из самых вредоносных болезней

двустворчатых моллюсков (Taraska, Bottger 2011). Без контроля DN и CTC в природных и культивируемых популяциях, ведение устойчивого аквакультурного двустворчатых моллюсков невозможно.

В последнем генетическом исследовании беломорской сельди *Clupea pallasii*, А.Н. Строганов и А.В. Семенова впервые нашли гибридов ранних поколений между *C. pallasii* и атлантической сельдью *C. harengus*, связали появление гибридов с участвовавшими, на фоне потепления климата, заходами атлантической сельди в Белое море, и поставили вопрос о судьбе важнейшего промыслового объекта в Белом море при возможном увеличении масштаба гибридизации (Stroganov, Semenova 2018). Мы первыми показали интрогрессивную гибридизацию между *Clupea pallasii* и *C. harengus*, и, на примере аберрантных популяций скандинавских фиордов, продемонстрировали одно из последствий гибридизации. Это – гибридные рои, гибридогенные популяции, чьи биологические свойства еще предстоит выяснить (Laakkonen et al. 2015, 2015; Стрелков и др. 2016). Вероятно, в свете прогнозов изменений климата, это и есть судьба беломорских сельдей. Поэтому, так важно изучить свойства этих «роев», равно как и динамику текущей гибридизации между *C. pallasii* и *C. harengus*, что мы также планируем сделать в рамках проекта.

1.2. Приоритетное направление развития науки, технологий и техники в Российской Федерации, критическая технология

Указывается согласно перечню (Указ Президента Российской Федерации от 7 июля 2011 года №899) в случае, если тематика проекта может быть отнесена к одному из приоритетных направлений, а также может внести вклад в развитие критических технологий Российской Федерации.

6. Рациональное природопользование.

4. Биомедицинские и ветеринарные технологии.

1.3. Ключевые слова (приводится не более 15 терминов)

на русском языке

Сестринские филогенетические линии, Гибридизация, Интрогрессия, Естественный отбор, Популяционная транскриптомика, Фенотипическая изменчивость, Гетероплазмия, генетический химеризм, Трансмиссивный рак, Диссеминированная неоплазия, Морские Bivalvia, коммерческие виды, Морские сельди *Clupea*, Моря северной Европы

на английском языке

Sister phylogenetic lineages, Hybridization, Introgression, Natural selection, Population transcriptomics, Phenotypic variation, Heteroplasmy, Genetic chimerism, Clonally transmissible cancer, Disseminated neoplasia, Marine Bivalvia, commercial species, Marine herrings *Clupea*, Seas of Northern Europe

1.4. Аннотация проекта (объемом не более 2 стр.; в том числе кратко – актуальность решения указанной выше научной проблемы и научная новизна)

Данная информация может быть опубликована на сайте Фонда в информационно-телекоммуникационной сети «Интернет».

на русском языке

Если в геноме животного одновременно читаются гены разных видов, тому может быть несколько объяснений. Нулевая гипотеза: за результатом стоит несовершенство методики генотипирования, либо ее неправильное воплощение, например, контаминация. Альтернативная гипотеза: перед нами гибрид. Есть и вторая альтернативная гипотеза: мы наблюдаем химеризм, когда разные клетки одного животного имеют геномы разных видов. Явление трансмиссивного рака (СТС, clonally transmissible cancer), онкологического инфекционного заболевания, при котором инфекционным агентом являются сами раковые клетки, описано еще в 1876 М.А. Новинским на примере трансмиссивной венерической опухоли собак (CTVT). Сегодня мы знаем, что CTVT – древняя филогенетическая линия (Murchison et al. 2014), возможно - отдельный таксон «одноклеточной собаки». Почему же гипотеза трансмиссивного рака и порожденного им «химеризма» никогда не рассматривалась ни нами, ни громадным большинством других зоологов, изучающих «естественную гибридизацию» или просто использующих молекулярно-генетические методы? Мы отвечаем на этот вопрос так: потому что мы были слепы. Мы изучали гибридизацию у морских животных, в том числе моллюсков, даже не допуская мысль, что за «комплексными генотипами» может стоять СТС. Теперь мы узнали, что клональные раковые инфекции широко циркулируют в морских (малако)ценозах, пересекая таксономические границы. В рамках проекта мы хотим, во-первых, продолжить свои исследования гибридизации, для чего нам нужно учесть гипотезу СТС. Во вторых, мы хотим увидеть СТС и попытаться постичь это явление, конфликтующее с устоявшейся научной картиной мира и потому сулящее много открытий.

Гибридизация. Нас интересует, при каких обстоятельствах до того географически изолированные родственные виды вступают во вторичный контакт, впадают в интрогрессивную гибридизацию, и к каким экологическим и эволюционным последствиям это приводит. На фоне солидного задела исследований гибридизации у континентальных видов, в том числе Ното, о гибридизации в море известно мало, а в морях России практически ничего. Ранее мы показали

межвидовую гибридизацию у таких обычных обитателей морей северной Европы как мидии *Mytilus*, балтийские ракушки *Macoma cf. balthica* и морские сельди *Clupea*. В каждом случае в гибридизацию вступили виды атлантического и тихоокеанского происхождения, время дивергенции между которыми оценивается в 1.5-3.5 миллионов лет. Теперь мы хотим развить этот задел, описав паттерны гибридизации и интрогрессии у этих животных во всем регионе. Это важно по следующим причинам. Во-первых, все наши объекты являются ключевыми элементами морских экосистем, а мидии и сельди имеют большое хозяйственное значение. Поэтому их генетическое и таксономическое разнообразие требует изучения. Очевидно, что фенотипически и экологически гибриды не идентичны родителям, а «симпатрические» популяции гибридизующих видов, тем более интрогрессированные популяции не идентичны «аллопатрическим» популяциям тех же видов. Во-вторых, на примере нашей модели - трех пар видов - биогеографических аналогов, вступающих в гибридизацию в разных углах одного и того же обширного региона, можно ответить на вопросы: В какой степени гибридизация между разными парами видов в одних и тех же местах приводит к одним и тем же последствиям? В какой степени гибридизация между одними и теми же видами, но в разных местах, приводит к одним и тем же последствиям?

Химеризм. За два года, прошедших с момента открытия CTC у морских *Bivalvia* (Metzger et al. 2015), он показан, в том числе, у *Mya arenaria*, *Cerastoderma edulis*, *Mytilus* spp. и *Macoma cf. balthica* (Metzger et al. 2015, 2016, Paynter et al. 2017), то есть у всех крупных литоральных *Bivalvia*, обитающих в северных морях России. В качестве программы минимум мы хотим, во-первых, отработать методику определения CTC и формально проверить его наличие/отсутствие в региональных популяциях этих животных. Во-вторых, мы хотим учесть гипотезу CTC при получении и интерпретации данных по гибридизации у *Macoma* и, особенно, *Mytilus*. Популяции *M. trossulus* северной Европы рассматриваются как вероятный источник CTC, распространяющегося в популяциях *M. edulis* западной Атлантики (Riuet et al. 2017). В качестве программы максимум, мы хотим поучаствовать в разворачивающейся гонке по изучению CTC, изучив его филогению.

на английском языке

If the genotype of an animal is found to contain genes of different species, several explanations are possible. Zero hypothesis: this is due to a flawed genotyping technique or mistakes in its application such as contamination. An alternative hypothesis: we have a hybrid. A second alternative hypothesis: we are dealing with chimerism, when different cells of an animal have genomes of different species. Clonally transmissible cancer (CTC), an oncological transmissible disease with cancer cells themselves active as an infective agent, was described as early as in 1876 by M.A. Novinsky using evidence from canine transmissible venereal tumour (CTVT). Now we know that CTVT is an ancient phylogenetic lineage (Murchison et al. 2014), possibly, a separate taxon of a “unicellular dog”. Why haven’t we (and many other zoologists studying “natural hybridization” or just using molecular-genetic methods) ever considered the hypothesis of transmissible cancer and chimerism resulting from it? Our answer is: because we were blind. We studied hybridization in marine animals, including molluscs, without even admitting the possibility that CTC may be behind “complex genotypes”. Now we have learned that CTCs broadly circulate in marine (malaco)cenoses, crossing taxonomic boundaries. Within the project, we want, firstly, to continue our studies of hybridization, and for this we have to consider the CTC hypothesis. Secondly, we want to reveal CTC and try to understand this phenomenon, which is in conflict with the existing scientific world view and thus fraught with discoveries.

Hybridization. We are interested in the circumstances under which previously geographically isolated related species come into secondary contact and undergo introgressive hybridization as well as in ecological and evolutionary consequences of this process. An impressive advance in hybridization studies of continental species, including *Homo*, highlights the fact that precious little is known about hybridization in the sea and almost nothing about hybridization in Russian seas. Earlier we have shown that interspecies hybridization is present in some common inhabitants of northern European seas such as mussels *Mytilus*, Baltic clams *Macoma cf. balthica* and marine herrings *Clupea*. In each case an aboriginal Atlantic and an invasive Pacific species are involved in hybridization, with the time of divergence between the species being assessed as 1.5-3.5 million years. This is a solid groundwork, which we are eager to develop further, describing in detail the patterns of hybridization and introgression in these animals. This is important for three reasons. Firstly, all of them are key elements of marine ecosystems, while mussels and herrings have, in addition, a great economic importance. This means that studying their genetic and taxonomic diversity is worthwhile. Evidently, phenotypically and ecologically the hybrids are not identical to parents, while “sympatric” populations of hybridizing species, especially introgressed populations, are not identical to “allopatric” populations of the same species. Secondly, our model – three pairs of species, which are biogeographic analogues hybridizing in various parts of a vast region – might provide an answer to intriguing questions such as 1) To what degree does hybridization between different pairs of species in the same places result in the same consequences? 2) To what degree does hybridization between the same species but in different places in the same consequences?

Chimerism. In the two years since the discovery of CTC in marine *Bivalvia* (Metzger et al. 2015), chimerism was shown, among

others, in *Mya arenaria*, *Cerastoderma edulis*, *Mytilus* spp. and *Macoma* cf. *balthica* (Metzger et al. 2015, 2016, Paynter et al. 2017), that is, in all large intertidal bivalves occurring in northern Russian seas. As an immediate goal, we want, firstly, to develop a technique of CTC identification and formally test regional populations of these animals for its presence/absence. Secondly, we want to account for the CTC hypothesis as we obtain and interpret hybridization data on *Macoma* and, especially, *Mytilus*. Populations of *M. trossulus* in northern Europe are considered as a possible source of CTC spreading in populations of *M. edulis* in western Atlantic (Riuet et al. 2017). Our ultimate goal is to participate in the unfolding race of CTC studies and investigate its phylogeny.

1.5. Ожидаемые результаты и их значимость (указываются ожидаемые результаты и их научная и общественная значимость (соответствие запланированных результатов мировому уровню исследований, возможность практического использования запланированных результатов проекта в экономике и социальной сфере))

Данная информация может быть опубликована на сайте Фонда в информационно-телекоммуникационной сети «Интернет».

на русском языке

Из четырех направлений проекта, три (1. Анализ паттернов гибридизации и интрогрессии; 2. Описание варьирования фенотипов; 3. Популяционная транскриптомика) полностью посвящены исследованиям гибридизации. Эти направления сформулированы в русле многолетних исследований коллектива.

Изучая распределение «криптических» видов мидий *Mytilus*, балтийских ракушек *Macoma* cf. *balthica* и морских сельдей *Clupea*, паттерны гибридизации и интрогрессии между ними, описывая морфологические и «экологические» фенотипы разных популяций, мы закрываем пробел в базовых знаниях о трех важнейших видовых комплексах северных морей. Помимо экологической значимости, все наши объекты имеют хозяйственное значение. Балтийская ракушка – тест-объект в водной токсикологии. Мидия – важный объект аквакультуры. Морская сельдь – важнейший объект промысла.

В кривом зеркале ограниченных данных, ни одна из наших моделей для изучения гибридизации не похожа на классическую клинальную гибридную зону, свойственную континентальным видам (Barton, Hewitt 1981). У мидий мы видим «многоэтажные» мозаичные гибридные зоны, структурированные в масштабах от сотен километров до единиц метров, при масштабе популяционной дисперсии в десятки километров. У ракушек – парадоксальные «гибридные рои», существующие вне контакта с родительскими формами, и, при этом, близкие к генетическому равновесию. У сельдей – комплексы географических и экологических рас, различающиеся по уровню интрогрессии. Мы предлагаем, во-первых, впервые подробно охарактеризовать эти системы с использованием фенотипических и мультилокусных, в том числе геномных, данных. Во-вторых, использовать преимущества этих моделей для изучения структуры и последствий гибридизации и интрогрессии.

Четвертое направление проекта (4. В поисках CTC) – поисковое. В рамках этого направления мы проверяем гипотезу трансмиссивного рака (CTC) для региональных популяций *Bivalvia*, в частности привлекаем ее для объяснения аномальных «химерных» генотипов, выявленных в региональных гибридных зонах у *Mytilus*. CTC – это не только новое, почти не познанное явление, но и угроза. В коммерческих популяциях *Bivalvia* CTC может вызывать эпизоотии, имеющие характер стихийных бедствий. Важно подчеркнуть, что сами по себе, генетический «химеризм» и диссеминированная неоплазия (лейкемия-подобный рак) у наших беспозвоночных объектов – это не новость ни для нас, ни для других. Новизна поставленной задачи – в интерпретации этих явлений.

В ходе выполнения проекта мы рассчитываем получить данные, достаточные для подготовки публикаций (серий публикаций) на следующие темы.

1. Структура и динамика мозаичных гибридных зон. На сегодняшний день, нет ответа на вопросы, может ли мозаичная зона быть выражена в пространственном масштабе, меньшем, чем масштаб популяционной дисперсии гибридизующих видов и может ли такая зона испытывать динамику, не связанную напрямую с динамикой местообитаний, с которыми ассоциированы популяции видов. Мы ответим на эти вопросы.
2. Геномная архитектура гибридных роев. Гибридный рой, формально – полная противоположность гибридной зоны (Strelkov et al. 2007). На основании геномных данных мы предметно обсудим вопрос: что такое гибридный рой – иллюзия, порожденная ограниченностью данных (мало локусов, мало выборок), или, все-таки, гибридный вид *in statu nascendi*?
3. Интрогрессивная гибридизация как фактор формообразования. Ранее мы показали, что генофонды разных сезонных и географических рас европейских *Clupea pallasii* в разной степени (0-25%) «загрязнены» генами *C. harengus* и сформулировали гипотезу, что генофонды *C. harengus*, в свою очередь, тоже испытали интрогрессию генов от *C. pallasii* (Laakkonen et al. 2015). Мы проверим эту гипотезу и предметно обсудим вопрос: является ли интрогрессия маркером разных рас сельдей, приобретенным вторично, либо гибридизация была триггером их эволюции.
4. Предсказуемость паттернов гибридизации и интрогрессии. В какой степени гибридизация между разными парами

видов – биогеографических аналогов в одних и тех же местах приводит к одним и тем же последствиям? В какой степени гибридизация между одними и теми же видами, но в разных местах, приводит к одним и тем же последствиям? Эти вопросы мы обсудим на примере трех пар гибридизующих видов (мидии *Mytilus edulis* и *M. trossulus*, морские сельди *Clupea pallasii* и *C. harengus*, балтийские ракушки *Macoma balthica* и *M. rubra*), являющихся биогеографическими аналогами и формирующими сериальные гибридные зоны в морях северной Европы.

5. Идентификация гибридов и оценка степени гибридизации в гибридных зонах с помощью малого числа маркеров. В условиях интрогрессии и беккроссинга, одного или даже нескольких «диагностических» (для аллопатрических популяций) локусов оказывается недостаточно для надежной идентификации «чистопородных» особей и гибридов в гибридных зонах. Мы сравним надежность бытующих практик идентификации генотипов применительно к нашим объектам и предложим процедуру выбора маркеров и методов классификации генотипов, нацеленную на анализ таксономической структуры выборок из гибридных зон наиболее эффективным способом.

6. Митохондриальное наследование у гибридизующих видов мидий *Mytilus*. У мидий два митохондриальных генома, женский, передающийся от матерей всем потомкам, и мужской, передающийся от отцов сыновьям (Zouros et al. 1994). В своих данных мы видим, что в симпатрических популяциях наследование митохондрий нарушается. Например, мы находим женские митохондрии *M. trossulus* у самцов с ядерным генотипом *M. edulis* и полным комплектом митохондрий *M. edulis*. Появление этих «химер», теоретически, можно объяснить инфекционным раком, выявленным в тихоокеанских популяциях *M. trossulus* (Metzger et al. 2016) и, согласно предварительным данным, проникшим в Европу (Riquet et al. 2016). Мы проверим эту гипотезу.

7. CTC в прибрежных морских сообществах северных морей России: происхождение, разнообразие, пути циркуляции.

на английском языке

Out of the four directions of the project, three (1. Analysis of hybridization and introgression patterns; 2. Description of variability of phenotypes; 3. Population transcriptomics) are entirely devoted to hybridization. These directions have formed during long-term research conducted by our scientific team and are based on solid groundwork.

Studying the distribution of “cryptic” species of *Mytilus*, *Macoma* cf. *balthica* and *Clupea*, their hybridization and introgression patterns and describing morphological and “ecological” phenotypes of different populations, we bridge the gap in the basic knowledge about three most important species complexes of the northern seas. Besides their ecological significance, all our objects have an economic importance. Baltic clams are the model object of aquatic toxicology. Mussels are extremely important aquaculture objects. Marine herring is a very important object of commercial fishing.

In the false mirror of limited data, none of our hybridization models is similar to the classical clinal hybrid zone characteristic of continental species (Barton, Hewitt 1981). In mussels we see “multilayered” mosaic hybrid zones structured at a scale of hundreds kilometres to centimetres, with the scale of populational dispersion being tens of kilometres. In clams we see paradoxical “hybrid swarms”, which are out of contact with the parental forms and close to genetic equilibrium. In herrings we see complexes of discrete geographic and ecological races differing as to the introgression level. We suggest, firstly, to characterize these systems (which, after all, exist in the nature) and to do so in detail, with the use of morphometric and multiloci (genomic) data. Secondly, we suggest to use the advantages of these models for the study of the structure and consequences of hybridization and introgression.

The forth direction of the project is a pilot one (3. In search of CTC). We want to test the CTC hypothesis for regional populations of *Bivalvia*. In particular, we use it to explain anomalous “chimeric” genotypes found in regional hybrid zones in *Mytilus*. CTC is not only a new and almost unknown phenomenon. It is also a threat. In commercial populations of bivalves CTC may cause epizootic diseases bordering on natural disasters. It should be noted that the presence of genetic chimerism and disseminated neoplasia in our invertebrate objects is no news as such. The novelty lies in our interpretation of these phenomena.

In the course of the project we expect to obtain the data sufficient for preparing publications (series of publications) on the following topics.

1. Structure and dynamics of mosaic hybrid zones (using evidence from *Mytilus*). By now, there is no answer to questions of whether a mosaic zone may be expressed at a lesser spatial scale than that of population dispersion of hybridizing species and if this zone may experience dynamics not directly associated with that of habitats with which the populations of species are associated. We will answer these questions.
2. Genomic architecture of “hybrid swarms”. A hybrid swarm, formally, is the exact opposite of a hybrid zone (cf. Strelkov et al. 2007). Relying on hard evidence (genomic data), we will discuss the question of what, after all, a hybrid swarm is: a figment of imagination born from scarcity of data (few loci, few samples) or a hybrid species in statu nascendi?
3. Introgression hybridization as a factor of speciation. Earlier we have shown that the gene pools of different seasonal and geographic races of European *Clupea pallasii* are in various degree (0-25%) “polluted” with the genes of *C. harengus*. Based

on this, we hypothesized that the gene pools of *C. harengus* were also, in their turn, introgressed by *C. pallasii* genes (Laakkonen et al. 2015; Strelkov et al. 2016). We will test this hypothesis and discuss if introgression is a secondarily acquired marker of different herring races or if their evolution was triggered by hybridization.

4. Predictability of hybridization and introgression patterns. Do hybridization and introgression patterns differ in the same species in different contact zones? Do hybridization and introgression patterns differ in biogeographic analogues in the same ecosystems? We will discuss these questions using evidence from three pairs of hybridizing species (mussels *Mytilus edulis* and *M. trossulus*, marine herrings *Clupea pallasii* and *C. harengus*, Baltic clams *Macoma balthica* and *M. rubra*). These pairs of species are biogeographic analogues and form serial hybrid zones in northern European seas.

5. Identification of hybrids and assessment of the degree of hybridization in hybrid zones with the help of a small number of markers. Under conditions of introgression and backcrossing, one or even several “diagnostic” (for allopatric populations) loci may prove not enough for reliable identification of “thoroughbred” individuals and hybrids in hybrid zones. We will compare the reliability of some common techniques of genotypes identification as applied to our objects and propose a procedure of selection of markers and methods of genotypes classification aimed at the analysis of the taxonomic structure of samples from hybrid zones in the most parsimonious manner.

6. Mitochondrial inheritance in hybridizing mussels *Mytilus*. Mussels have two mitochondrial genomes: the female genome inherited by all descendants from mothers and the male genome inherited by sons from fathers (Zouros et al. 1994). Our data indicate that mitochondrial inheritance may be disrupted in sympatric populations. For instance, we found female mitochondria of *M. trossulus* in males with nuclear genotype of *M. edulis* and a full set of *M. edulis* mitochondria. Theoretically, the emergence of these “chimeras” can be explained by transmissible cancer, which was found in the initial distribution area of *M. trossulus* (Metzger et al. 2016) and, according to preliminary evidence, has made its way into western Europe (Riquet et al. 2016). We will test this hypothesis.

7. Clonally transmissible cancers in marine coastal communities of Northern Russia: origin, diversity, circulation patterns.

1.6. В состав научного коллектива будут входить:

Несоответствие состава научного коллектива (в том числе отсутствие информации в соответствующих полях формы) требованиям пункта 17 конкурсной документации является основанием недопуска заявки к конкурсу.

10 исполнителей проекта (включая руководителя),

В соответствии с требованиями пункта 17 конкурсной документации от 4 до 10 человек. Вне зависимости от того, в трудовых или гражданско-правовых отношениях исполнители состоят с организацией.

в том числе

5 исполнителей в возрасте до 39 лет,

из них:

3 очных аспирантов, адъюнктов, интернов, ординаторов, студентов.

1.7. Планируемый состав научного коллектива с указанием фамилий, имен, отчеств (при наличии) членов коллектива, их возраста на момент подачи заявки, ученых степеней, должностей и основных мест работы, формы отношений с организацией (трудовой договор, гражданско-правовой договор) в период реализации проекта

Одинцова Нелия Адольфовна, 64 года, доктор биологических наук, профессор, Федеральное государственное бюджетное учреждение науки Национальный научный центр морской биологии Дальневосточного отделения Российской академии наук, гражданско-правовой договор

Лайус Дмитрий Людвигович, 59 лет, кандидат биологических наук, доцент, Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего профессионального образования «Санкт-Петербургский государственный университет» (СПбГУ), трудовой договор

Хайтов Вадим Михайлович, 47 лет, кандидат биологических наук, доцент, Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего профессионального образования «Санкт-Петербургский государственный университет» (СПбГУ), трудовой договор

Юрченко Андрей Александрович, 30 лет, кандидат биологических наук, научный сотрудник, Лаборатория геномики инфекционных заболеваний ФИЦ Институт цитологии и генетики СО РАН, гражданско-правовой договор

Майорова Мария Андреевна, 27 лет, кандидат биологических наук, Федеральное государственное бюджетное учреждение науки Национальный научный центр морской биологии Дальневосточного отделения Российской академии наук, научный сотрудник, гражданско-правовой договор

Католикова Марина Викторовна, 41 год, без степени, научный сотрудник, Федеральное государственное бюджетное учреждение науки Мурманский морской биологический институт КНЦ РАН, гражданско-правовой договор

Головин Павел Валерьевич, 24 года, без степени, очный аспирант, Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего профессионального образования «Санкт-Петербургский государственный

университет» (СПбГУ)

Марченко Юлия Тиграновна, 26 лет, без степени, очный аспирант, Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего профессионального образования «Санкт-Петербургский государственный университет» (СПбГУ)

Сказина Мария Александровна, 27 лет, без степени, очный аспирант, Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего профессионального образования «Санкт-Петербургский государственный университет» (СПбГУ)

Соответствие профессионального уровня членов научного коллектива задачам проекта

О профессиональном уровне руководителя и основных исполнителей проекта можно судить по данным формы 2 проекта: 46 публикаций за последние пять лет на троих, из них 15 в журналах Q1. Из семи других коллег, пять (кроме Хайтова и Юрченко) – бывшие или нынешние аспиранты Стрелкова, Одинцовой и Лайуса, работающие, в основном, в одном русле с руководителями. Все члены коллектива, кроме аспирантов 1 года Головина и Марченко, имеют публикации в рейтинговых журналах за первым авторством. Головин и Майорова руководят грантами РФФИ по конкурсу «мой первый грант», а Сказина в прошлом году стала номинантом стипендиальной программы СПбГУ и Банка Сантандер для молодых ученых.

«Возрастные» коллеги, В.М. Хайтов (ORCID 0000-0001-5567-8554, 6 публикаций в реферируемых изданиях за 5 лет, индекс Хирша 4) и М.В. Католикова (ORCID 0000-0001-6110-4258, 6 публикаций в реферируемых изданиях за 5 лет, индекс Хирша 3) – многолетние партнеры Стрелкова и Лайуса по популяционным исследованиям морских рыб и беспозвоночных. Доцент Хайтов читает на биологическом факультете СПбГУ общий курс Экологии и спецкурсы Анализ и визуализация многомерных данных с использованием R и Линейные модели, дисперсионный и регрессионный анализ с использованием R.

Биоинформатик и эволюционист А.А. Юрченко (Scopus Author ID: 55344394700), тридцати лет, имеет индекс Хирша 5 и 18 публикаций в реферируемых изданиях за 5 лет (!), причем в высокорейтинговых Scientific Reports и Heredity - за первым авторством. До прошлого года он работал в СПбГУ, в Центре геномной биоинформатики им. Ф.Г. Добжанского. К сотрудничеству с ним мы пришли через общий интерес к явлению гибридного роя. В этом году нами был опубликован аннотированный транскриптом балтийской ракушки *Macoma balthica* (Yurchenko et al., Marine genomics 2018) – первый шаг к изучению геномной архитектуры роя на примере этого объекта.

Наличие среди членов коллектива специалистов, искушенных в мат. анализе биологических данных и в биоинформатике, можно считать его сильной стороной.

Коллектив структурирован географически и по областям знаний. Дальневосточная часть – цитологи, петербургская – популяционисты. Вместе нас свел интерес к трансмиссивному раку, который читается не только на гистологических препаратах, но и в генотипах особей. Тот факт, что коллектив в полном составе пережил прошлогодний неуспех с аналогичной заявкой в Фонд, свидетельствует о серьезности намерений, и об уровне доверия между участниками.

1.8. Планируемый объем финансирования проекта по годам (указывается в тыс. рублей):

Несоответствие планируемого объема финансирования проекта (в том числе отсутствие информации в соответствующих полях формы) требованиям пункта 15 конкурсной документации является основанием недопуска заявки к конкурсу.

2019 г. - 6000 тыс. рублей,

2020 г. - 6000 тыс. рублей,

2021 г. - 6000 тыс. рублей,

2022 г. - 6000 тыс. рублей.

Планируемый объем софинансирования проекта по годам (указывается в тыс. рублей):

Носит информационный характер.

2019 г. - 0 тыс. рублей,

2020 г. - 0 тыс. рублей,

2021 г. - 0 тыс. рублей,

2022 г. - 0 тыс. рублей.

Сведения об источниках софинансирования и партнерах:

-

1.9. Научный коллектив по результатам проекта в ходе его реализации предполагает опубликовать в рецензируемых российских и зарубежных научных изданиях не менее

10 публикаций, из них:

10 в изданиях, индексируемых в базах данных «Сеть науки» (Web of Science Core Collection) или «Скопус» (Scopus);

10 в изданиях, учитываемых РИНЦ;

0 монографий.

Приводятся данные за весь период выполнения проекта. Уменьшение количества публикаций (в том числе отсутствие информации в соответствующих полях формы) по сравнению с порогом, установленным в п. 21.2 конкурсной документации является основанием недопуска заявки к конкурсу.

Информация о научных изданиях, в которых предполагается опубликовать результаты проекта:

Мы научились публиковаться в журналах первого квартиля по <https://www.scimagojr.com/> и не планируем снижать планку. Те результаты, которые базируются на заделах, вероятно, удастся опубликовать в журналах уровня Plos one, Ecology and evolution и лучших журналах по морской биологии. Результаты, полностью полученные в рамках проекта, мы попытаемся опубликовать в ведущих журналах по эволюционной биологии уровня Evolutionary applications, Molecular ecology, Heredity.

1.10. Число публикаций членов научного коллектива, опубликованных в период с 1 января 2014 года до даты подачи заявки,

85, из них

40 – опубликованы в изданиях, индексируемых в Web of Science Core Collection или в Scopus.

1.11. Планируемое участие научного коллектива в международных коллаборациях (проектах) (при наличии)

Заявляя этот проект, мы подтверждаем желание продолжать сотрудничество с коллегами, с которыми у нас есть общие заделы по теме проекта, в первую очередь группами Ристо Вайнолы (R. Vainola) из университета Хельсинки (Финляндия), Николаса Биерне (N. Bierre) из университета Монпелье (Франция), Трулса Моума (T. Moum) из университета Буде (Норвегия), Романа Венне (R. Wenne) и Артура Бужинского (A. Burzyński) из института Океанологии Польской Академии наук (Польша) и Антонио Виллалба (A. Villalba) из Испанского Центра морских исследований (Испания).

Руководитель проекта подтверждает, что

- он провел предварительные консультации с представителями владельца ОИ по вопросам использования ОИ в случае победы в настоящем конкурсе, ознакомлен с существенными условиями использования ОИ (перечнем оборудования и методик измерений; перечнем выполняемых типовых работ и (или) оказываемых услуг с указанием единицы измерения выполняемой работы и (или) оказываемой услуги и их стоимостью в рублях или порядком определения их стоимости; регламентом доступа к оборудованию ОИ и условиями допуска к работе на оборудовании ОИ), содержащимися на сайте ОИ в сети «Интернет»;
- все члены научного коллектива (в том числе руководитель проекта) удовлетворяют пунктам 11, 12, 18 конкурсной документации;
- на весь период реализации проекта он будет состоять в трудовых отношениях с организацией;
- при обнародовании результатов любой научной работы, выполненной в рамках поддержанного Фондом проекта, он и его научный коллектив будут указывать на получение финансовой поддержки от Фонда и организацию, а также согласны с опубликованием Фондом аннотации и ожидаемых результатов поддержанного проекта, соответствующих отчетов о выполнении проекта, в том числе в информационно-телекоммуникационной сети «Интернет»;
- помимо гранта Фонда проект не будет иметь других источников финансирования в течение всего периода практической реализации проекта с использованием гранта Фонда;
- проект не является аналогичным по содержанию проекту, одновременно поданному на конкурсы научных фондов и иных организаций;
- проект не содержит сведений, составляющих государственную тайну или относимых к охраняемой в соответствии с законодательством Российской Федерации иной информации ограниченного доступа;
- доля членов научного коллектива в возрасте до 39 лет включительно в общей численности членов научного коллектива будет составлять не менее 50 процентов в течение всего периода практической реализации проекта;
- он будет представлять ежегодный отчет о выполнении проекта.

Подпись руководителя проекта _____/П.П. Стелков/

Форма 2. Сведения о руководителе и основных исполнителях проекта

собираются автоматически (частично) на основе анкетных данных руководителя и исполнителей, подтвердивших свое участие. Список исполнителей формируется в "Форме Т"

Форма 2. Сведения о руководителе

2.1. Фамилия, имя, отчество (при наличии)

на русском языке

Стрелков Петр Петрович

на английском языке фамилия и инициалы

Strelkov P.

WoS ResearcherID (при наличии)

Можно получить, зарегистрировавшись по адресу www.ResearcherID.com.

D-1606-2013

Scopus AuthorID (при наличии)

Scopus AuthorID формируется в базе данных Scopus автоматически при появлении у автора хотя бы одной статьи в данной базе. AuthorID указан в авторском профиле, который становится доступен, если при поиске автора в базе данных Scopus (Author Search) в результатах поиска нажать на фамилию автора.

6701567237

2.2. Дата рождения (указывается цифрами – число, месяц, год)

27.07.1972

2.3. Гражданство

РОССИЯ

2.4. Ученая степень, год присуждения

В случае наличия нескольких ученых степеней, указывается та из них, которая наиболее соответствует тематике проекта.

Кандидат биологических наук, 2003

2.5. Награды и премии за научную деятельность, членство в ведущих научных сообществах (при наличии), участие в редколлегиях ведущих рецензируемых научных изданий (при наличии), участие в оргкомитетах или программных комитетах известных международных конференций, иной опыт организации международных мероприятий

нет

2.6. Основное место работы на момент подачи заявки – должность, полное наименование организации (сокращенное наименование организации)

Руководитель проекта может на момент подачи заявки не являться работником организации, но, в случае победы в конкурсе, должен заключить с ней трудовой договор. В случае, если руководитель проекта не является гражданином Российской Федерации, организацией должны быть выполнены все процедуры, предусмотренные законодательством Российской Федерации при трудоустройстве иностранных граждан.

доцент, федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования "Санкт-Петербургский государственный университет" (СПбГУ, Санкт-Петербургский государственный университет, г Санкт-Петербург)

2.7. Область научных интересов – ключевые слова (приводится не более 15 ключевых слов)

на русском языке

северные моря; биогеография плейстоцена; межвидовая гибридизация; инбридинг; морские изоляты; Mytilus; Clupea; Gadus

на английском языке

2.8. Область научных интересов – коды по классификатору Фонда

04-107 04-103 04-105

2.9. Перечень публикаций руководителя проекта, опубликованных в период с 1 января 2014 года до даты подачи заявки, подтверждающий выполнение условия пункта 14 конкурсной документации

Достаточно привести ссылки на публикации в количестве, равном установленному в конкурсной документации порогу. В случае представления публикации в изданиях, индексируемых в базе данных «Сеть науки» (Web of Science Core Collection) или «Скопус» (Scopus), входящих в первый квартиль (Q1) по импакт-фактору JCR Science Edition или JCR Social Sciences Edition, по Scopus SJR (принадлежность издания к Q1 определяется по базе данных <http://www.scimagojr.com/>), данная статья в настоящем пункте указывается как одна публикация, но учитывается как две публикации. При этом необходимо указать на принадлежность издания к Q1 и на год принадлежности издания к Q1. Несоответствие количества публикаций (в том числе отсутствие информации в соответствующих полях формы или отсутствие информации о принадлежности издания к Q1), приводимое в перечне и/или численно в строке ниже, требованиям пункта 14 конкурсной документации является основанием недопуска заявки к конкурсу в соответствии с подпунктом «е» пункта 26 конкурсной документации.

на английском языке

- Genelt-Yanovskiy E., Nazarova S., Tarasov O., Mikhailova N., Strelkov P. Phylogeography of the temperate marine bivalve *Cerastoderma edule* (Linnaeus, 1758) (Bivalvia: Cardiidae) in the Subarctic: Unique diversity and strong population structuring at different spatial scales // J Zool Syst Evol Res, 2018. <https://doi.org/10.1111/jzs.12231> IF=3.286 Q1(2017)
- Khaitov V., Makarycheva A., Gantsevich M., Lentsman N., Skazina M., Gagarina A., Katolikova M., Strelkov P. Discriminating Eaters: Sea Stars *Asterias rubens* L. Feed Preferably on *Mytilus trossulus* Gould in Mixed Stocks of *Mytilus trossulus* and *Mytilus edulis* L. // The Biological Bulletin, 2018. - Vol. 234, N. 2 - P. 85-95. <https://doi.org/10.1086/697944> IF=1.950 Q1(2017)
- Yurchenko A.A., Katolikova N., Polev D.E., Shcherbakova I., Strelkov P. Transcriptome of the bivalve *Limecola balthica* L. from Western Pacific: A new resource for studies of European populations // Marine genomics, 2018. <https://doi.org/10.1016/j.margen.2018.03.007> IF=1.937 Q1(2017)
- Strelkov, P., Katolikova, M., Väinölä, R. Temporal change of the Baltic Sea–North Sea blue mussel hybrid zone over two decades // Marine Biology, 2017. - Vol. 164. - № 214. DOI: 10.1007/s00227-017-3249-z IF=2.136 Q1(2017)
- Katolikova M., Khaitov V., Väinölä R., Gantsevich M., Strelkov P. Genetic, Ecological and Morphological Distinctness of the Blue Mussels *Mytilus trossulus* Gould and *M. edulis* L. in the White Sea // PloS one, 2016. — P. 1-25 [doi:10.1371/journal.pone.0152963](https://doi.org/10.1371/journal.pone.0152963) IF=3.702 Q1(2017)
- Galaktionov N.K., Podgornaya O.I., Strelkov P.P., Galaktionov K.V. Genomic diversity of cercarial clones of *Himasthla elongata* (Trematoda, Echinostomatidae) determined with AFLP technique // Parasitology Research, 2016. — Vol. 115, — № 12. — P. 4587–4593 [doi: 10.1007/s00436-016-5249-1](https://doi.org/10.1007/s00436-016-5249-1) IF=2.098 Q1(2017)
- Andreev V., Fokin M., Mugue N., Strelkov P. Long-term persistence and evolutionary divergence of a marine fish population with a very small effective population size (Kildin cod *Gadus morhua kildinensis*) // Marine Biology, 2015. — Vol. 162, — № 5. — P. 979–992 [doi:10.1007/s00227-015-2642-8](https://doi.org/10.1007/s00227-015-2642-8) IF=2.136 Q1(2017)
- Lajus D., Katolikova M., Strelkov P., Hummel H. Fluctuating and directional asymmetry of the blue mussel (*Mytilus edulis*): improving methods of morphological analysis to explore species performance at the northern border of its range // Symmetry, 2015. — № 7. — P. 488-514 [doi:10.3390/sym7020488](https://doi.org/10.3390/sym7020488) IF=1.192
- Laakkonen H.M., Strelkov P., Lajus D.L., Väinölä R. Introgressive hybridization between the Atlantic and Pacific herrings (*Clupea harengus* and *C. pallasii*) in the north of Europe // Marine Biology, 2015. — Vol. 162, — № 1. — P. 39-54 [doi:10.1007/s00227-014-2564-x](https://doi.org/10.1007/s00227-014-2564-x) IF=2.136 Q1(2017)
- Laakkonen H. M. , Strelkov P. , Väinölä R. Molecular lineage diversity and inter-oceanic biogeographical history in *Hiattella* (Mollusca, Bivalvia) // Zoologica Scripta, 2015. — Vol. 44, — № 4. — P. 383-402 [doi:10.1111/zsc.12105](https://doi.org/10.1111/zsc.12105) IF=3.121 Q1(2017)
- Strelkov P., Shunatova N., Fokin M., Usov N., Fedyuk M., Malavenda S., Lubina O., Poloskin A., Korsun S. Marine Lake Mogilnoe (Kildin Island, the Barents Sea): one hundred years of solitude // Polar Biology, 2014. — Vol. 37, — № 3. — P. 297-310 [doi:10.1007/s00300-013-1431-4](https://doi.org/10.1007/s00300-013-1431-4) IF=1.815 Q1(2017)

Для русскоязычных названий сведения приводятся на русском языке и в переводе на английский язык. При этом должно быть понятно, что речь идет об одном и том же документе (например, добавляйте слово «перевод»).

Перечень содержит 11 публикаций в изданиях, индексируемых в Web of Science Core Collection, Scopus.

Перечень содержит 10 публикаций в изданиях, входящих в первый квартиль (Q1) по импакт-фактору JCR Science Edition или JCR Social Sciences Edition, по Scopus SJR.

Принадлежность издания к Q1 определяется по базе данных <http://www.scimagojr.com/>.

2.10. Основные научные результаты руководителя проекта за период с 1 января 2014 года (результаты должны

подтверждаться сведениями из заявки, например - публикациями)

на русском языке

- 1) Гибридная зона между *Mytilus edulis* Северного моря и балтийской *M. trossulus* в проливе Орезунд на входе в Балтийское море – одна из первых по времени изучения (1980е) морских гибридных зон. Мы повторили исследование этой зоны. За 20 лет в зоне произошли изменения: геометрический центр узкой (140 км) зоны переместился на 25 км вглубь Балтики, зона сузилась на 1/3 исходной длины, степень гибридизации в популяциях зоны снизилась. Эту динамику мы объясняем негативным влиянием на обилие и дисперсию мидий в проливе Орезундской переправы, построенной в 1990е гг. Подобные переправы построены и через другие Датские проливы. Мы спрашиваем, как это повлияло на дисперсию мидий и других видов, и изолированность биоты Балтики (Strelkov et al. 2017).
- 2) Мы изучили генетическую изменчивость Кильдинской трески - изолированной популяции атлантической трески *Gadus morhua* из оз. Могильного, в сравнении с морской треской. Долгосрочная генетически-эффективная численность популяции (N_e) Кильдинской трески оценена в несколько сотен, современная N_e - в несколько десятков. Это ниже общепринятых значений N_e минимальной жизнеспособной популяции. Формально, *G. morhua kildinensis* - самая малочисленная морская рыба из изученных генетически, она выживает при критически низкой N_e (Andreev et al. 2015).
- 3) Со времен описания в 1980х, молекулярно-генетическими методами, «криптических» видов мидий *Mytilus edulis* и *M. trossulus*, они оставались для морских биологов «виртуальными» сущностями, лишенными видовых морфологических и экологических фенотипов. На примере симпатрических популяций видов в Белом море мы доказали, что, несмотря на ограниченную гибридизацию, *M. edulis* и *M. trossulus* являются в высокой степени дискретными генетическими, морфологическими и экологическими сущностями (Katolikova et al. 2016; Khaitov et al. 2018).
- 4) Генофонды европейских популяций тихоокеанской сельди *Clupea pallasii* "загрязнены" генами атлантической сельди *C. harengus*. Масштаб интрогрессии достигает десятков процентов, как по ядерным, так и по митохондриальным генам. Подвиды и расы европейской *C. pallasii* различаются по уровню и структуре интрогрессии от *C. harengus*. Отсутствие в сборах гибридов ранних поколений и паттерны сегрегации чужеродных генов между особями в интрогрессированных популяциях свидетельствуют в пользу длительной истории гибридизации и возвратных скрещиваний (Laakkonen et al. 2015; Стрелков и др. 2016).
- 5) Низкий полиморфизм, дефицит уникальной изменчивости и слабая популяционная структурированность должны быть характерными чертами молодых популяций постгляциальных регионов. Против ожиданий, мы нашли богатую филогеографическую изменчивость в субарктических популяциях бореальной сердцевидки *Cerastoderma edule*. Кроме того, в данном регионе *C. edule* демонстрирует выраженную метапопуляционную структуру, что для морских беспозвоночных с наружным оплодотворением и пелагическим развитием не свойственно. Мы связываем богатую автохтонную изменчивость в субарктических популяциях с ранней постгляциальной колонизацией региона, наличием океанографических барьеров и эпизодами «выметающего отбора» (selective sweeps), сопряженных с адаптацией бореального вида к обитанию в высоких широтах (Genelt-Yanovsky et al. 2018).

на английском языке

- 1) The blue mussel hybrid zone between *Mytilus edulis* of the marine Kattegat and *Mytilus trossulus* of the brackish Baltic Sea in the Oresund strait was one of the first hybrid zones that was described in the marine realm (1980th). In a temporal comparison we documented changes in the position and structure of the zone. Since 1987 the narrow (140 km wide) multilocus cline shifted 25 km towards the Baltic end of the Oresund. The cline also appeared to have become narrower and the extent of hybridity among individuals decreased. We hypothesize that the construction of the Oresund fixed link across the Strait negatively affected mussel abundance and dispersion. Since similar fixed links have been built across other Danish Straits we ask how it affected connectivity between the Baltic and Oceanic populations in mussels and other species (Strelkov et al. 2017).
- 2) We studied Kildin cod, an isolated population of Atlantic cod *Gadus morhua* from an ecologically marginal habitat (marine lake), comparing it with the parental oceanic population by a set of microsatellite and protein loci. Overall, the genetic variability in Kildin cod was extremely low. The obtained genetic estimates of the effective population size N_e of Kildin cod (less than a hundred) were much smaller than what is considered as the smallest N_e of a viable population.
- 3) The systematic and taxonomic status of "cryptic" blue mussel species *Mytilus edulis* and *M. trossulus* have puzzled marine biologists since the very discovery of their molecular differences in 1980s. Surveying an area of species co-occurrence in the White Sea, we demonstrated that while *Mytilus edulis* and *M. trossulus* are not fully reproductively isolated, they do represent clearly distinguishable biological, ecological and morphological entities in the White Sea (Katolikova et al. 2016; Khaitov et al. 2018).
- 4) We presented evidence of mitochondrial and nuclear introgression from the Atlantic herring *Clupea harengus* into the

Pacific herring *C. pallasii* in northern European seas. Introgression approaches dozens of percent's at nuclear and mitochondrial genes. Races and subspecies of European *C. pallasii* differs by the amount of introgression from Atlantic herring. The virtual lack of early generation hybrids in our samples, the absences of inter-locus and cytonuclear disequilibria in introgressed populations, suggest recurrent backcrossing and hybridization over a long period of time (Laakkonen et al. 2015; Strelkov et al. 2016).

5) Low genetic variation, lack of unique diversity and little genetic differentiation are expected for young populations from postglacial areas. Against these expectations, phylogeographic diversity and hence the evolutionary history of the boreal cockle *Cerastoderma edule* on subarctic coastlines of Europe were found to be rich. Furthermore, clear metapopulation structuring has been revealed, for the first time among marine broadcast spawning invertebrates. Hypotheses considered to explain the origin of the unique variation in cockles from Northern Norway involve an early postglacial colonization and establishment of these populations, oceanographic barriers, and a mitochondrial selective sweep associated with the postglacial recolonization of the subarctic seas by the boreal *C. edule* (Genelt-Yanovsky et al. 2018).

**2.11. Общее число публикаций руководителя проекта за период с 1 января 2014 года, 14, из них:
12 - опубликовано в изданиях, индексируемых в Web of Science Core Collection или Scopus.**

2.12. Дополнительный список публикаций руководителя проекта за последние 5 лет (монографии, результаты интеллектуальной деятельности, имеющие правовую охрану, публикации в ведущих рецензируемых научных изданиях, публикации в изданиях, индексируемых в системах цитирования Web of Science, Scopus, приводится не более 10 публикаций, при наличии публикации в информационно-телекоммуникационной сети «Интернет» указывается ссылка на нее (обязательно для публикаций в индексируемых изданиях), указывается, при наличии, импакт-фактор научного издания (по JCR Science Edition или JCR Social Sciences Edition))

на английском языке

Strelkov P. Lajus D., Vainola R. The chase of the hybrid herring // Priroda 2016, N10

Strelkov P. The world of marine lakes // Priroda 2015, N8

Gantsevich M.M., Strelkov P.P., Basova L.A., Malakhov V.V. Parasitizing of trematodes provokes warts on the hinge plate of the bivalve mollusk *Macoma balthica* Linnaeus, 1758 (Veneroida, Tellinidae) // Doklady Biological Sciences, 2016. - Vol. 466, — № 1. - P. 8-11.

doi: 10.1134/S0012496616010014

Пункт не является обязательным к заполнению. Могут приводиться публикации, свидетельствующие о научной квалификации и достижениях руководителя проекта, за исключением публикаций, указанных в п. 2.9 настоящей формы.

2.13. Опыт руководства и выполнения научных проектов (указываются наименования фондов (организаций), номера, названия проектов и сроки выполнения за последние 5 лет, успешность выполнения)

Руководитель проектов:

2018, Колыбельная трескового озера. Документация экосистемы озера Могильного (о. Кильдин, Баренцево море). Грант Русского географического общества № 13/2018-Р.

2017, Молекулярно-генетические исследования морских беспозвоночных и рыб на базе кафедры ихтиологии и гидробиологии 0.40.493.2017 НИР СПбГУ Мер. 4 (Модернизация материально-технической базы фундаментальных научных исследований).

2016-2018, Генетическое наследие тресковых озер и сельдяных озер (северо-восточная Европа) 16-04-00723 РФФИ-а

2014-2016, Эволюция в постгляциальных морях: ретроспективный анализ морских популяций по молекулярно-генетическим данным 1.38.253.2014 НИР СПбГУ Мер. 2 (Проведение фундаментальных исследований по направлениям подготовки специалистов (инициативные проекты))

2014, Научный проект проведения экспедиции по изучению генофондов *Bivalvia* (*Mytilus*, *Macoma*, *Cerastoderma*) северных и дальневосточных морей 14-04-10130 РФФИ-к

2013-2015, Динамика морских гибридных зон (на примере комплексов *Mytilus edulis* и *Macoma balthica*), 13-04-00394 РФФИ-а

Успешность выполнения: запланированные исследования выполнены в полном объеме.

В том числе в проектах, финансируемых РФФИ (при наличии):

2.14. Планируемое участие в научных проектах (в любом качестве) в 2019 году

Общее количество – 1, из них:

руководство – 1, участие в качестве исполнителя – 0,

а именно:

настоящий проект

(указываются в том числе грантодатели или заказчики проектов и источник финансирования, например – государственное задание учредителя, гранты РФФИ, ФПИ, РНФ, иных фондов, государственный контракт (заказчик, программа), иной хозяйственный договор, иные гранты и субсидии).

2.15. Доля рабочего времени, которую планируется выделить на руководство данным проектом в случае победы в конкурсе Фонда -

50 процентов.

Имеется в виду – от полной занятости в рамках трудовых или гражданско-правовых правоотношений, т.е. занятость в свободное от основной работы время также должна учитываться.

2.16. Предполагаемая форма трудовых отношений с организацией, через которую будет осуществляться финансирование:

Организация будет являться основным местом работы: да;

Трудовой договор по совместительству: нет;

Трудовой договор о дистанционной работе: нет.

2.17. Опыт образовательной деятельности (указывается информация о руководстве аспирантами, адъюнктами, интернами, ординаторами, разработке и чтении новых образовательных курсов в российских и зарубежных вузах)

В СПбГУ я читаю магистерские курсы Биология популяций (направление 06.04.01 биология) и Биология и охрана популяций (направление 05.04.06 экология и природопользование). Я также читаю лекции по биогеографии Ледовитого океана в рамках курса Geoecology of polar regions and impacts on ecosystems на англоязычной магистерской программе Master Program for Polar and Marine Sciences POMOR (СПбГУ/университет Гамбурга). Под моим руководством ежегодно защищают ВКР студенты. Руководство ВКР аспиранта, магистранта и бакалавра сейчас. Ниже список ВКР моих студентов за последние 5 лет.

Сказина Мария Александровна. ВКР аспиранта (2018) Генетическая идентификация криптических видов мидий *Mytilus* (*M. edulis*, *M. trossulus* и *M. galloprovincialis*) в условиях гибридизации и интрогрессии

Марченко Юлия Тиграновна. ВКР магистра (2017) Динамика морской гибридной зоны (*Mytilus edulis* L., *M. trossulus* Gould, Кольский залив, Баренцево море)

Киреева Мария Анатольевна. ВКР магистра (2016) Проверка гипотезы о биологической изоляции беспозвоночных и рыб в морских озерах

Гагарина Анастасия Владимировна. ВКР магистра (2016) Митохондриальное наследование у мидий *Mytilus* spp. в условиях межвидовой гибридизации

Марченко Юлия Тиграновна. ВКР бакалавра (2015) Структура и динамика поселений мидий, образованных двумя видами - *Mytilus edulis* L. и *M. trossulus* Gould (губа Тюва, Кольский залив, Баренцево море)

2.18. Почтовый адрес

197198 Введенская 7, кв. 38, С-Петербург, Россия

2.19. Контактный телефон

+79219262825

2.20. Электронный адрес (E-mail)

p_strelkov@yahoo.com

2.21. Участие в проекте:

Руководитель проекта

2.22. Файлы с дополнительной информацией (резюме, другая дополнительная информация, которая, по мнению руководителя проекта, может быть полезна для принятия решения о целесообразности финансирования данного проекта)

В формате pdf, до 3 Мб.

на русском языке

на английском языке

С условиями конкурса Фонда (в том числе, с пунктами 11 и 12 конкурсной документации) ознакомлен и согласен. С регламентом доступа к оборудованию ОИ и условиями его использования ознакомлен и согласен. Подтверждаю свое участие в проекте.

Я, _____,

(фамилия, имя, отчество)

свободно, своей волей и в своем интересе даю свое согласие на обработку (с использованием и без использования средств автоматизации), включающую сбор, запись, систематизацию, накопление, хранение, уточнение (обновление, изменение), извлечение, использование, передачу (распространение, предоставление, доступ), обезличивание, блокирование, удаление, уничтожение предоставленных мною выше персональных данных (фамилию, имя, отчество, год и место рождения, адрес, абонентский номер, сведения о профессии и иные персональные данные, сообщаемые мною Российскому научному фонду) Российским научным фондом (адрес: г. Москва, ул. Солянка, д. 12-14, строение 3) с целью проведения экспертизы заявки, подготовки аналитических материалов по конкурсам, создания общедоступных источников персональных данных, в том числе в информационно-телекоммуникационной сети «Интернет», с целью информационного обеспечения деятельности Фонда на срок до ликвидации оператора (Фонд), при этом все предоставленные мною персональные данные согласен(на) считать общедоступными персональными данными. Данное согласие может быть отозвано мною в письменной форме.

Заполнение является обязательным в соответствии с требованиями Федерального закона от 27 июля 2006 г. №152-ФЗ «О персональных данных».

Номер основного документа, удостоверяющего личность, сведения о дате выдачи указанного документа и выдавшем его органе

(вид, номер, дата выдачи, выдавший орган, заполняется от руки)

Подпись руководителя проекта _____/П.П. Стрелков/

Форма 2. Сведения об основном исполнителе проекта

2.1. Фамилия, имя, отчество (при наличии)

на русском языке

Лайус Дмитрий Людвигович

на английском языке фамилия и инициалы

Lajus D.L.

WoS ResearcherID (при наличии)

Можно получить, зарегистрировавшись по адресу www.ResearcherID.com.

L-1326-2013

Scopus AuthorID (при наличии)

Scopus AuthorID формируется в базе данных Scopus автоматически при появлении у автора хотя бы одной статьи в данной базе. AuthorID указан в авторском профиле, который становится доступен, если при поиске автора в базе данных Scopus (Author Search) в результатах поиска нажать на фамилию автора.

6602612811

2.2. Дата рождения (указывается цифрами – число, месяц, год)

03.12.1959

2.3. Гражданство

РОССИЯ

2.4. Ученая степень, год присуждения

В случае наличия нескольких ученых степеней, указывается та из них, которая наиболее соответствует тематике проекта.

Кандидат биологических наук, 1989

2.5. Награды и премии за научную деятельность, членство в ведущих научных сообществах (при наличии), участие в редколлегиях ведущих рецензируемых научных изданий (при наличии)

Член редколлегии Вестника Мурманского Технического Университета

2.6. Основное место работы на момент подачи заявки – должность, полное наименование организации (сокращенное наименование организации)

доцент, федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования "Санкт-Петербургский государственный университет" (СПбГУ, Санкт-Петербургский государственный университет, г Санкт-Петербург)

2.7. Область научных интересов – ключевые слова (приводится не более 15 ключевых слов)

на русском языке

популяционная биология, историческая экология, морфологическая изменчивость, Белое море, Балтийской море, история рыболовства, сельдь, трехиглая колюшка, флуктуирующая асимметрия, экология

на английском языке

population biology, historical ecology, morphological variation, White Sea, Baltic Sea, history of fisheries, herring, threespine stickleback, fluctuating asymmetry, ecology

2.8. Область научных интересов – коды по классификатору Фонда

04-107 04-103

2.9. Общее число публикаций за период с 1 января 2014 года, 49, из них:

22 - опубликовано в изданиях, индексируемых в Web of Science Core Collection или Scopus.

2.10. Список публикаций основного исполнителя проекта за последние 5 лет (монографии, результаты интеллектуальной деятельности, имеющие правовую охрану, публикации в ведущих рецензируемых научных изданиях, публикации в изданиях, индексируемых в системах цитирования Web of Science, Scopus, приводится не более 10 публикаций, при наличии публикации в информационно-телекоммуникационной сети «Интернет» указывается ссылка на нее (обязательно для публикаций в индексируемых изданиях), указывается, при наличии, импакт-фактор научного издания (по JCR Science Edition или JCR Social Sciences Edition))

на английском языке

1. Yurtseva A., Luskow F., Hatton M., Doucet A., Lajus D. 2018. Finfish vs jellyfish: complementary feeding patterns allow threespine stickleback *Gasterosteus aculeatus* and common jellyfish *Aurelia aurita* to co-exist in a Danish cove. *Marine Biology* 165 (9), 148. (IF= 2.30, 2017, Q1). DOI: 10.1007/s00227-018-3407-y
2. Lajus D., Stogova, D., Keskitalo C. 2018. The Implementation of Marine Stewardship Council (MSC) certification in Russia: achievements and considerations. *Marine Policy* 90: 105-114. (IF=2,52, 2107, Q1). DOI: 10.1016/j.marpol.2018.01.001
3. Rybkina E.V., Ivanova T.S., Ivanov M.V., Kucheryavyy A.V., Lajus D.L. 2017. Habitat preference of three-spined stickleback juveniles in experimental conditions and in the wild eelgrass. *Journal of the Marine Biological Association of the United Kingdom* 97(7): 1437-1445. (IF=1.17, 2017). doi.org/10.1017/S0025315416000825
4. Ivanova T.S., Ivanov M.V., Golovin P.V., Polyakova N.V., Lajus D.L. 2016. The White Sea threespine stickleback population: spawning habitats, mortality, abundance. *Evolutionary ecology research* 17 (3): 301-315. IF=0.87. <http://evolutionary-ecology.com/abstracts/v17/2993.html>
5. Bakhvalova A.E., Ivanova T.S., Ivanov M.V., Demchuk A.S., Movchan E.A., Lajus D.L. 2016. Long-term changes in the role of threespine stickleback *Gasterosteus aculeatus* in the White Sea: predatory fish consumption reflects fluctuating stickleback abundance during the last century. *Evolutionary ecology research* 17 (3): 317-334. <http://evolutionary-ecology.com/abstracts/v17/2991.html>
6. Rybkina E.V., Demchuk A.S., Lajus D.L., Ivanova T.S., Ivanov M.V., Galaktionov K.V. 2016. Dynamics of parasite community during early ontogenesis of marine threespine stickleback, *Gasterosteus aculeatus*. *Evolutionary ecology research* 17 (3): 335-354. <http://evolutionaryecology.com>
7. Lajus D., A. Yurtseva, G. Birch, D. Booth. 2015. Fluctuating asymmetry as a pollution monitor: The Australian estuarine smooth toadfish *Tetractenos glaber* (Teleostei: Tetraodontidae) // *Marine Pollution Bulletin* (IF=3.40, 2017, Q1). 101(2):758-767. DOI: 10.1016/j.marpolbul.2015.09.038.
8. Demchuk A.S., Ivanov M.V., Ivanova T.S., Polaykova N.V., Mas-Marti E., Lajus D.L. 2015. Feeding patterns in seagrass beds of three-spined stickleback *Gasterosteus aculeatus* juveniles at different growth stages // *Journal of the Marine Biological Association of the United Kingdom* (IF=1.064), 2015. — Vol. 95, — № 08. — P. 1635-1643. DOI: 10.1017/S0025315415000569
9. Lajus D.L., Sukhikh N.M., Alekseev V.R. 2015. Cryptic or pseudocryptic: can morphological methods inform copepod taxonomy? An analysis of publications and a case study of the *Eurytemora affinis* species complex // *Ecology and Evolution* (IF=2.40, 2017, Q1). — Vol. 5, — № 12. — P. 2374-2385. DOI: 10.1002/ece3.1521
10. Lajus D., M. Katolikova, P. Strelkov, H. Hummel. 2015. Fluctuating and directional asymmetry of the blue mussel (*Mytilus edulis*): improving methods of morphological analysis to explore species performance at the northern border of its range // *Symmetry* (IF=0.826), 2015. — № 7. — P. 488-514. DOI: 10.3390/sym7020488
11. Laakkonen, H.M., P. Strelkov, D. L. Lajus, R. Väinölä. 2015. Introgressive hybridization between the Atlantic and Pacific herrings (*Clupea harengus* and *C. pallasii*) in the north of Europe // *Marine Biology* (IF=2.391, 2015, Q1). — Vol. 162, — № 1. — P. 39-54. DOI: 10.1007/s00227-014-2564-x.
12. Lajus D., Glazkova Ye., Sendek D., Khaitov V., Lajus Yu. 2015. Dynamics of fish catches in the eastern Gulf of Finland (Baltic Sea) and downstream of the Neva River during the 20th century // *Aquatic Sciences* (IF=2.706, 2015, Q1). — Vol. 77, — № 3. — P. 411-425. DOI: 10.1007/s00027-014-0389-9.

13. Yurtseva A., Salmina E., Galik A., Lajus D. 2015. How a millennium of fishing changed fish populations: a case study of Lake Peipus and the Velikaya River (NW Russia) // Aquatic Sciences (IF=2.706, 2015, Q1). — Vol. 77, — № 3. — P. 325-336. DOI: 10.1007/s00027-014-0381-4.
14. Haidvogel, G., Lajus, D., Pont, D., Schmid, M., Jungwirth, M., Lajus J. 2014. Typology of historical sources and the reconstruction of long-term historical changes of riverine fish: a case study of the Austrian Danube and northern Russian rivers // Ecology of Freshwater Fish (IF=1.701, 2014, Q1). — Vol. 23, — P. 498-515. DOI: 10.1111/eff.12103
15. Lajus D., Yurtseva A., Arshavsky D. 2014. Radioactive contamination causes only minor effect on fluctuating asymmetry of two fish species from Chernobyl area // Journal of Applied Ichthyology (IF=0.867). 2014. — Vol. 30, — № 4. — P. 740-745. DOI: 10.1111/jai.12516

Для русскоязычных названий сведения приводятся на русском языке и в переводе на английский язык. При этом должно быть понятно, что речь идет об одном и том же документе (например, добавляйте слово «перевод»).

2.11. Опыт руководства научными проектами и участия в них (указываются наименования фондов (организаций), номера, названия проектов и сроки выполнения за последние 5 лет)

Шведский Фонд стратегических исследований окружающей среды. Достижения и проблемы сертификаций рыбных промыслов в Арктике по стандартам Морского Попечительского Совета (часть проекта "Устойчивое развитие в Арктике МИСТРА, 2015-2018. (Руководитель).

Программа правительства Индонезии "Профессор Мирового Класа" : Устойчивость промысла морских коньков в Индонезии, 2017-2018 (Руководитель).

РНФ: 1.53.1168.2014. Моторные и зрительные асимметрии у позвоночных животных: эволюция и роль в жизни вида, 2014-2018 (Исполнитель).

РФФИ: 17-04-00027. Оценки риска и последствий вселения чужеродных видов в континентальные арктические водоемы России, 2017-2019 (Исполнитель).

РФФИ: 16-04-00723 А. Генетическое наследие тресковых озер и сельдяных озер (северо-восточная Европа), 2016-2018 (Исполнитель)..

Европейское Сотрудничество в Области Науки и Технологий (COST), проект "Прошлое Океанов", 2014-2018 (Исполнитель).

РФФИ: 14-04-00932 А. Исследование процессов расселения инвазийных континентальных видов водных беспозвоночных через Арктический коридор, 2014-2016 (Исполнитель).

РФФИ: 11-04-00195-а Изучение роли химических коммуникаций в сезонных адаптациях и биотических связях водных беспозвоночных, 2011-2013 (Исполнитель).

РФФИ: 10-04-91005-АНФ_а Многолетняя динамика популяций рыб и экосистем европейских рек: данные, методология и возможности эффективного управления (2010-2012 г) (Руководитель).

2.12. Планируемое участие в научных проектах (в любом качестве) в 2019 году

Общее количество – 4, из них:

руководство – 2, участие в качестве исполнителя – 2,

а именно:

Грант РНФ (руководитель, планируется подача заявки), Грант РНФ (исполнитель, эта заявка, руководитель П.П. Стрелков),

Грант правительства Индонезии (руководитель, планируется подача заявки), Грант РФФИ (исполнитель, руководитель В.Р.Алексеев).

(указываются в том числе грантодатели или заказчики проектов и источник финансирования, например – государственное задание учредителя, гранты РФФИ, ФПИ, РНФ, иных фондов, государственный контракт (заказчик, программа), иной хозяйственный договор, иные гранты и субсидии).

2.13. Доля рабочего времени, которую планируется выделить на участие в данном проекте в случае победы в конкурсе Фонда -
20 процентов.

Имеется в виду – от полной занятости в рамках трудовых или гражданско-правовых правоотношений, т.е. занятость в свободное от основной работы время также должна учитываться.

2.14. Участие в образовательной деятельности (указывается информация о руководстве аспирантами, адъюнктами, интернами, ординаторами, разработке и чтении новых образовательных курсов в российских и зарубежных вузах)

Научное руководство:

Постдоки:

СПбГУ. Симонова В.В. Нелегальные рыбные промыслы в России: социальные и биологические аспекты (2018-2020).

СПбГУ. Грум-Гржимайло О.А. Морские организмы высоких широт в условиях антропогенного воздействия и климатических изменений (2014-2015).

СПбГУ. Артамонова В.А. Морфологическая и генетическая изменчивость морских организмов в условиях высоких широт и климатических изменений (2013-2015).

СПбГУ. Кучерявый А.В. Морфологическая и генетическая изменчивость морских организмов в условиях высоких широт и климатических изменений (2013-2015).

Кандидитские диссертации:

СПбГУ. Головин Павел Валерьевич. Соотношение полов у трехиглой колюшки Белого моря (2017-2020).

СПбГУ. Доргам Ахмед. Популяционная биология трехиглой колюшки Белого моря (2016-2020).

СПбГУ. Бахвалова Анастасия Евгеньевна. Колюшка Белого моря как объект питания (2017-2019).

ЗИН РАН. Шатских-Рыбкина Елена Викторовна. Эколого-паразитологические исследования колюшки Белого моря (2016-2019).

Магистерские диссертации:

СПбГУ. Надточий Екатерина Сергеевна. Магистратура СПбГУ по специальности «Биология». Прибрежные сообщества рыб Белого моря (2018-2020).

СПбГУ. Головин Павел Валерьевич. Магистратура СПбГУ по специальности «Биология». Изменчивость соотношения полов у трехиглой колюшки в Белом море (защита 2017 г).

СПбГУ. Орловский Игорь Дмитриевич, Магистратура СПбГУ по специальности «Экология» тема – Прилов при промысле окуня Ириклинского водохранилища (защита 2016 г).

СПбГУ. Моганова Мария Витальевна. Магистратура СПбГУ по специальности «Биология» «Прилов при промысле горбуши ставными неводами на острове Сахалин» (защита 2015 г).

Бакалаврские диссертации:

СПБГУ. Смирнова Ксения Александровна. Бакалавриат по специальности «Экология». Питание сельди Белого моря Кандалакшского залива (2018-2019).

СПБГУ. Головин Павел Валерьевич. Бакалавриат по специальности «Экология». Морфологическая изменчивость трехиглой колюшки Белого моря (защита 2015 г).

СПБГУ. Орловский Игорь Дмитриевич, Бакалавриат по специальности «Биология» «Нерестовая миграции горбуши *Oncorhynchus gorbuscha* в реку Лангери, северо-восточный Сахалин» (защита 2014 г).

СПБГУ. Моганова Мария Витальевна. Бакалавриат по специальности «Биология». Успешно защищена ВКР «Рыбы небольшого полуизолированного морского водоема в Керетском архипелаге (Кандалакшский залив)» (защита 2013 г)

СПБГУ. Трофименко Елена Владимировна. Бакалавриат по специальности «Биология». «Рыбы побережья Керетского архипелага: рост, питание, динамика численности» (защита 2013 г).

Разработанные и прочитанные курсы (последние пять лет):

Биологические ресурсы морей России, для бакалавров СПБГУ, 20 часа (2011-2017 гг)

Водная экотоксикология, для магистров СПБГУ, 30 часов (2009-2018 гг)

Экологические проблемы Балтийского моря для магистров СПБГУ, 24 часа (2009-2018 гг)

Популяционная биология рыб для магистров СПБГУ, 24 часа (2008-2014 гг)

Генетика и селекция рыб для магистров СПБГУ, 20 часов (2012-2015 гг)

Анализ компьютерных изображений для магистров СПБГУ, 30 часов (2012-2014 гг)

Морфология и анатомия рыб для магистров СПБГУ, 36 часов (2010-2016 гг)

Летняя практика по ихтиологии для бакалавров СПБГУ, 56 часов (2008-2017 гг)

Летняя практика по биоразнообразию рыб для бакалавров СПБГУ, 16 часов (2008-2018).

2.15. В 2017 или в 2018 годах участвовал в качестве руководителя проекта, финансируемого Фондом (руководителя направления комплексной научной программы организации) или исполнителя проекта, финансируемого Фондом (комплексной научной программы организации) в следующих проектах (при наличии):

Являлся исполнителем проекта № 14-14-00284, 2014-2016 гг.

2.16. Контактный телефон, электронный адрес (E-mail)

+78123213279, dlajus@gmail.com

2.17. Участие в проекте:

Основной исполнитель проекта

С условиями конкурса Фонда (в том числе, с пунктами 12 и 13 конкурсной документации) ознакомлен и согласен. Подтверждаю свое участие в проекте.

Я, _____,

(фамилия, имя, отчество)

свободно, своей волей и в своем интересе даю свое согласие на обработку (с использованием и без использования средств автоматизации), включающую сбор, запись, систематизацию, накопление, хранение, уточнение (обновление, изменение), извлечение, использование, передачу (распространение, предоставление, доступ), обезличивание, блокирование, удаление, уничтожение предоставленных мною выше персональных данных (фамилию, имя, отчество, год и место рождения, адрес, абонентский номер, сведения о профессии и иные персональные данные, сообщаемые

мною Российскому научному фонду) Российским научным фондом (адрес: г. Москва, ул. Солянка, д. 12-14, строение 3) с целью проведения экспертизы заявки, подготовки аналитических материалов по конкурсам, создания общедоступных источников персональных данных, в том числе в информационно-телекоммуникационной сети «Интернет», с целью информационного обеспечения деятельности Фонда на срок до ликвидации оператора (Фонд), при этом все предоставленные мною персональные данные согласен(на) считать общедоступными персональными данными. Данное согласие может быть отозвано мною в письменной форме.

Заполнение является обязательным в соответствии с требованиями Федерального закона от 27 июля 2006 г. №152-ФЗ «О персональных данных».

Номер основного документа, удостоверяющего личность, сведения о дате выдачи указанного документа и выдавшем его органе

(вид, номер, дата выдачи, выдавший орган, заполняется от руки)

Подпись исполнителя проекта _____/Д.Л. Лайус/

Форма 2. Сведения об основном исполнителе проекта

2.1. Фамилия, имя, отчество (при наличии)

на русском языке

Одинцова Нэлия Адольфовна

на английском языке фамилия и инициалы

Odintsova N.A.

WoS ResearcherID (при наличии)

Можно получить, зарегистрировавшись по адресу www.ResearcherID.com.

A-8427-2014

Scopus AuthorID (при наличии)

Scopus AuthorID формируется в базе данных Scopus автоматически при появлении у автора хотя бы одной статьи в данной базе. AuthorID указан в авторском профиле, который становится доступен, если при поиске автора в базе данных Scopus (Author Search) в результатах поиска нажать на фамилию автора.

7004314550

2.2. Дата рождения (указывается цифрами – число, месяц, год)

23.12.1954

2.3. Гражданство

РОССИЯ

2.4. Ученая степень, год присуждения

В случае наличия нескольких ученых степеней, указывается та из них, которая наиболее соответствует тематике проекта.

Доктор биологических наук, 1999

2.5. Награды и премии за научную деятельность, членство в ведущих научных сообществах (при наличии), участие в редколлегиях ведущих рецензируемых научных изданий (при наличии)

Ассоциация специалистов по клеточным культурам

Премия им. Ак. В.Л. Касьянова за исследования в области молекулярной и клеточной биологии морских организмов (ДВО РАН)

2.6. Основное место работы на момент подачи заявки – должность, полное наименование организации (сокращенное наименование организации)

главный научный сотрудник, Федеральное государственное бюджетное учреждение науки "Национальный научный центр морской биологии" Дальневосточного отделения Российской академии наук (ННЦМБ ДВО РАН, Приморский край)

2.7. Область научных интересов – ключевые слова (приводится не более 15 ключевых слов)

на русском языке

эмбрионы, дифференцировка, личинки, культура клеток, стволовые клетки, морские беспозвоночные, неоплазии, опухоли-подобные структуры, пролиферация, экспрессия генов

на английском языке

embryons, differentiation, cell culture, larvae, marine invertebrates, marine biotechnology, neoplasia, stem cells, tumor-like structures, gene expression

2.8. Область научных интересов – коды по классификатору Фонда

04-208 04-209 04-106 04-205

2.9. Общее число публикаций за период с 1 января 2014 года, 13, из них:

13 - опубликовано в изданиях, индексируемых в Web of Science Core Collection или Scopus.

2.10. Список публикаций основного исполнителя проекта за последние 5 лет (монографии, результаты интеллектуальной деятельности, имеющие правовую охрану, публикации в ведущих рецензируемых научных изданиях, публикации в изданиях, индексируемых в системах цитирования Web of Science, Scopus, приводится не более 10 публикаций, при наличии публикации в информационно-телекоммуникационной сети «Интернет» указывается ссылка на нее (обязательно для публикаций в индексируемых изданиях), указывается, при наличии, импакт-фактор научного издания (по JCR Science Edition или JCR Social Sciences Edition))

на английском языке

1. Boroda A.V., Aizdaicher N.A., Odintsova N.A. The influence of ultra-low temperature storage on marine microalgal cells // Journal of Applied Phycology. 2014. V. 26. P. 387-397. DOI: 10.1007/s10811-013-0093-5 (IF - 2.492)
2. Ageenko N.V., Kiselev K.V., Dmitrenok P.S., Odintsova N.A. Pigment cell differentiation in blastula-derived primary cell cultures of sea urchins // Marine Drugs. 2014. Special issue: Advances and New Perspectives in Marine Biotechnology. Vol. 12. P. 3874-3891. DOI: 10.3390/md12073874 (IF 3.512)
3. Ryazanova T.V., Eliseikina M.G., Kalabekov I. M., Odintsova N.A. A herpes-like virus in king crabs: characterization and transmission under laboratory condition // Journal of Invertebrate Pathology. 2015. V. 127. P. 21–31. (IF- 2.11).
4. Kipryushina Yulia O., Yakovlev Konstantin V., Odintsova Nelly A. Vascular endothelial growth factors: A comparison between invertebrates and invertebrates // Cytokines and Growth Factor Reviews. 2015. V. 26, № 6. P. 687-695. DOI: 10.1016/j.cytogfr.2015.04.001 (IF 5.357).
5. Dyachuk Vyacheslav A., Maiorova Maria A., Odintsova Nelly A. Identification of beta integrin-like protein and fibronectin-like protein in the bivalve mollusk Mytilus trossulus // Development, Growth and Differentiation. 2015. V. 57. P. 515-528. Doi: 10.1111/dgd.12234 (IF 2.42).
6. Odintsova N.A., Eliseikina M.G., Ryazanova T.V. Experimental Infection of King Crab Hemocytes with a Herpes-like virus in Culture // Russian Journal of Marine Biology, 2015. V. 41 (5). P. 401-404 (IF 0.471).
7. Boroda A., Zacharenko P., Maiorova M., Peterson S.E., Loring J.F., Odintsova N.A. First steps to generating induced pluripotent stem cells from cryopreserved skin biopsies of marine mammals // Russian Journal of Marine Biology, 2015. V. 41 (5). P. 405-408 (IF 0.471).
8. Maiorova Maria A., Odintsova Nelly A. Beta integrin-like protein-mediated adhesion and its disturbances during cell cultivation of the mussel Mytilus trossulus // Cell Tissue Research. 2015. V. 361 (2). P. 581-592. DOI 10.1007/s00441-015-2122-y (IF 3.565).
9. Odintsova N.A., Ageenko N.V., Kipryushina Yu.O., Maiorova M.A., Boroda A.V. Freezing tolerance of sea urchin embryonic cells: Differentiation commitment and cytoskeletal disturbances in culture // Cryobiology, 2015. V. 71. P. 54-63. DOI: 10.1016/j.cryobiol.2015.06.002 (IF 1.587).
10. Maiorova M.A., Odintsova N.A. Proliferative potential of larval cells of the mussel Mytilus trossulus and their capacity to differentiate into myogenic cells in culture // Russian Journal of Marine Biology. 2016. Vol. 42, № 3. P. 281-285. (IF 0.61).
11. Ageenko N.V., Kiselev K.V., Odintsova N.A. Freezing tolerance of sea urchin embryo pigment cells // Russian J. Marine Biology. 2016. Vol. 42, № 5. P. 437-441. (IF 0.61).
12. Andrey V. Boroda, Yulia O. Kipryushina, Konstantin V. Yakovlev, Nelly A. Odintsova. The contribution of apoptosis and necrosis in freezing injury of sea urchin embryonic cells // Cryobiology. 2016. Vol. 73. P. 7-14. DOI: 10.1016/j.cryobiol.2016.06.007 (IF 1.92).
13. Odintsova N.A., Boroda A.V., Maiorova M.A., Yakovlev K.V. The death pathways of mussel larval cells after a freeze-thaw cycle // Cryobiology, 2017. Vol. 77. P. 41-49. DOI:10.1016/j.cryobiol.2017.05.009 (IF 1.996).

Для русскоязычных названий сведения приводятся на русском языке и в переводе на английский язык. При этом должно быть понятно, что речь идет об одном и том же документе (например, добавляйте слово «перевод»).

2.11. Опыт руководства научными проектами и участия в них (указываются наименования фондов (организаций), номера, названия проектов и сроки выполнения за последние 5 лет)

РФФИ:12-04-00363а (Молекулярные и клеточные механизмы эмбриональных и личиночных клеток иглокожих: поиск генов, вовлеченных в процессы клеточной специализации, 2012-2014). Руководитель
 Программа Молекулярной и клеточной биологии, № 6: 12-I-0-06-015 (Молекулярные и клеточные механизмы дифференцировки клеток иглокожих. Криоконсервация. 2012-2014). Руководитель
 CRDF: 2014-2015. № RUB1-7083-VL-13. Получение индуцированных плюрипотентных стволовых клеток из замороженных в жидком азоте тканей редких и находящихся под угрозой исчезновения видов морских

млекопитающих. Руководитель.

РНФ: 2014-2016. № 14-14-00035 «Исследование механизмов криоустойчивости клеток морских

беспозвоночных». Руководитель.

РНФ: 2014-2018. № 14-50-00034. Современные технологии учета морских биологических ресурсов и мониторинга природных популяций особо ценных промысловых гидробионтов Дальневосточных морей России. Исполнитель.

2.12. Планируемое участие в научных проектах (в любом качестве) в 2019 году

Общее количество – 2, из них:

руководство – 0, участие в качестве исполнителя – 2,

а именно:

грант РНФ

грант РФФИ

(указываются в том числе грантодатели или заказчики проектов и источник финансирования, например – государственное задание учредителя, гранты РФФИ, ФПИ, РНФ, иных фондов, государственный контракт (заказчик, программа), иной хозяйственный договор, иные гранты и субсидии).

2.13. Доля рабочего времени, которую планируется выделить на участие в данном проекте в случае победы в конкурсе Фонда -

40 процентов.

Имеется в виду – от полной занятости в рамках трудовых или гражданско-правовых правоотношений, т.е. занятость в свободное от основной работы время также должна учитываться.

2.14. Участие в образовательной деятельности (указывается информация о руководстве аспирантами, адъюнктами, интернами, ординаторами, разработке и чтении новых образовательных курсов в российских и зарубежных вузах)

Под моим руководством было защищено 8 кандидатских диссертаций, за последние 5 лет:

Кипрюшина Ю.О. (2013) ФАКТОРЫ РОСТА ИЗ СЕМЕЙСТВ ФАКТОРОВ РОСТА ЭНДОТЕЛИЯ СОСУДОВ И ФАКТОРОВ РОСТА ФИБРОБЛАСТОВ, SI-VEGF2 И SI-FGF, И ИХ РЕЦЕПТОРЫ В ОНТОГЕНЕЗЕ МОРСКОГО ЕЖА STRONGYLOCENTROTUS INTERMEDIUS. Специальность 03.03.04. Диплом ВАК ДКН 206311 от 16.06.2014.

Майорова М.А. (2016) БЕТА-ИНТЕГРИН-ПОДОБНЫЕ БЕЛКИ В ОНТОГЕНЕЗЕ МИДИИ MYTILUS TROSSULUS.

Специальность 03.03.04. Диплом ВАК КНД 030357 от 21.03.2017.

1 дипломная работа (2013) Школа естественных наук ДВФУ, кафедра клеточной биологии и генетики, Майорова М.А. «Участие субъединицы $\beta 1$ -подобного интегрин в регуляции дифференцировки и пролиферации клеток личинок мидии MYTILUS TROSSULUS IN VIVO И IN VITRO»;

разработан новый курс "Современные проблемы морской биотехнологии" для студентов 4-5 курса кафедры биохимии, микробиологии и биотехнологии Школы естественных наук ДВФУ в 2016 г.

2.15. В 2017 или в 2018 годах участвовал в качестве руководителя проекта, финансируемого Фондом (руководителя направления комплексной научной программы организации) или исполнителя проекта, финансируемого Фондом (комплексной научной программы организации) в следующих проектах (при наличии):

Являлся руководителем проекта № 14-14-00035, 2014-2016 гг.

2.16. Контактный телефон, электронный адрес (E-mail)

+79147363046, nelodin@mail.ru

2.17. Участие в проекте:

Основной исполнитель проекта

С условиями конкурса Фонда (в том числе, с пунктами 12 и 13 конкурсной документации) ознакомлен и согласен.

Подтверждаю свое участие в проекте.

Я, _____,
(фамилия, имя, отчество)

свободно, своей волей и в своем интересе даю свое согласие на обработку (с использованием и без использования средств автоматизации), включающую сбор, запись, систематизацию, накопление, хранение, уточнение (обновление, изменение), извлечение, использование, передачу (распространение, предоставление, доступ), обезличивание, блокирование, удаление, уничтожение предоставленных мною выше персональных данных (фамилию, имя, отчество, год и место рождения, адрес, абонентский номер, сведения о профессии и иные персональные данные, сообщаемые мною Российскому научному фонду) Российским научным фондом (адрес: г. Москва, ул. Солянка, д. 12-14, строение 3) с целью проведения экспертизы заявки, подготовки аналитических материалов по конкурсам, создания общедоступных источников персональных данных, в том числе в информационно-телекоммуникационной сети «Интернет», с целью информационного обеспечения деятельности Фонда на срок до ликвидации оператора (Фонд), при этом все предоставленные мною персональные данные согласен(на) считать общедоступными персональными данными. Данное согласие может быть отозвано мною в письменной форме.

Заполнение является обязательным в соответствии с требованиями Федерального закона от 27 июля 2006 г. №152-ФЗ «О персональных данных».

Номер основного документа, удостоверяющего личность, сведения о дате выдачи указанного документа и выдавшем его органе

(вид, номер, дата выдачи, выдавший орган, заполняется от руки)

Подпись исполнителя проекта _____/Н.А. Одинцова/

Форма 3. Сведения об организации

собираются автоматически на основе регистрационных данных организации, через которую будет осуществляться финансирование ("Форма Т")

3.1. Полное наименование *(приводится в соответствии с регистрационными документами)*

федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования "Санкт-Петербургский государственный университет"

3.2. Сокращенное наименование

СПбГУ, Санкт-Петербургский государственный университет

3.3. Наименование на английском языке

Federal State Budgetary Educational Institution of Higher Education "Saint-Petersburg State University"

3.4. Организационно-правовая форма *(указывается по ОКОПФ)*

Федеральные государственные бюджетные учреждения

3.5. Форма собственности *(указывается по ОКФС)*

Федеральная собственность

3.6. Ведомственная принадлежность

Правительство Российской Федерации

3.7. ИНН, КПП, ОГРН

7801002274, 780101001, 1037800006089

3.8. Адрес

199034, г. Санкт-Петербург, Университетская набережная, д. 7/9

3.9. Фактический адрес

199034, г. Санкт-Петербург, Университетская набережная, д. 7/9

3.10. Субъект Российской Федерации

г Санкт-Петербург

3.11. Должность, фамилия, имя, отчество *(при наличии) руководителя организации*

ректор, Кропачев Николай Михайлович

3.12. Контактный телефон

+78123289701

3.13. Электронный адрес *(E-mail)*

a.zheleznov@spbu.ru

Руководитель организации подтверждает, что:

- ознакомлен с условиями конкурса Фонда и согласен на финансирование проекта, в случае его поддержки, через организацию;
- согласен с пунктами 13, 19, 40, 42, 43 конкурсной документации, иными условиями конкурса;
- подтверждает сведения о руководителе проекта, изложенные в данной заявке;
В том числе сведения о дате рождения, ученой степени.
- организация исполняет обязательства по уплате налогов в бюджеты всех уровней и обязательных платежей в государственные внебюджетные фонды, платежеспособна, не находится в процессе ликвидации, не признана несостоятельной (банкротом), на ее имущество не наложен арест и ее экономическая деятельность не приостановлена;
- в случае признания заявки победителем организация берет на себя следующие обязательства:
 - заключить с членами научного коллектива гражданско-правовые или трудовые (срочные трудовые) договоры;
Если таковые не заключены ранее. В случае, если член научного коллектива не является гражданином Российской Федерации, организацией должны быть выполнены все процедуры, предусмотренные законодательством Российской Федерации при трудоустройстве иностранных граждан.

- по поручению руководителя проекта выплачивать членам научного коллектива вознаграждение за выполнение работ по проекту;
- ежегодно представлять отчет о целевом использовании гранта Российского научного фонда.

Руководитель организации гарантирует:

- что общий размер ежегодного вознаграждения члена научного коллектива не будет превышать 30 процентов от суммы ежегодного вознаграждения всем членам научного коллектива;
Включая установленные законодательством Российской Федерации гарантии, отчисления по страховым взносам на обязательное пенсионное страхование, на обязательное медицинское страхование, на обязательное социальное страхование на случай временной нетрудоспособности и в связи с материнством, на обязательное социальное страхование от несчастных случаев на производстве и профессиональных заболеваний.
- что общий размер ежегодного вознаграждения членов научного коллектива в возрасте до 39 лет включительно не будет меньше 35 процентов от суммы ежегодного вознаграждения всех членов научного коллектива;
- предоставление научному коллективу помещения, доступа к имеющейся экспериментальной базе для осуществления научного исследования.

Подпись руководителя организации (уполномоченного представителя, действующего на основании доверенности (распорядительного документа)), **печать** (при ее наличии) **организации**

В случае подписания формы уполномоченным представителем организации (в т.ч. – руководителем филиала) к печатному экземпляру заявки прилагается копия распорядительного документа или доверенности, заверенная печатью организации. Непредставление копии распорядительного документа или доверенности в случае подписания формы уполномоченным представителем организации, а также отсутствие расшифровки подписи, является основанием недопуска заявки к конкурсу.

_____/_____
М.П.

Форма 4. Содержание проекта

4.1. Научная проблема, на решение которой направлен проект

на русском языке

Нас интересует, при каких обстоятельствах до того пространственно изолированные близкородственные виды вступают в контакт, впадают в интрогрессивную гибридизацию, и к каким экологическим и эволюционным последствиям это приводит. Мы – морские биологи. Эту научную проблему мы формулируем как паттерны и последствия гибридизации и интрогрессии в морских местообитаниях. Применительно к *Bivalvia* – модельным объектам исследований гибридизации в море, эту проблему нельзя решить, не учитывая гипотезу трансмиссивного рака (СТС), проявления которого (генетический химеризм) можно спутать с проявлениями гибридизации. Отсюда необходимость изучить распространение и пути циркуляции СТС в региональных экосистемах.

на английском языке

We are interested in the circumstances under which previously spatially isolated closely related species contact each other and undergo introgressive hybridization as well as in ecological and evolutionary consequences of these processes. We are marine biologists. The scientific problem, as we understand it, is as follows: patterns and consequences of hybridization and introgression in marine habitats. In *Bivalvia*, the model object of marine hybridization studies, this problem cannot be solved without taking into account the hypothesis of transmissible cancer (CTC), whose manifestation (genetic chimerism) interferes with hybridization. Hence the need to study the distribution and circulation ways of CTC in regional ecosystems.

4.2. Научная значимость и актуальность решения обозначенной проблемы

на русском языке

На фоне солидного задела исследований гибридизации у континентальных видов, о гибридизации в море известно мало, а в морях России практически ничего. Это – серьезный пробел в знаниях. Масштаб как естественной, так и «антропогенной» гибридизации (связанной с нарушением биотопических и биогеографических границ) в море должен быть не меньше, чем в континентальных экосистемах. Паттерны гибридизации и интрогрессии в море отличаются от таковых у континентальных видов из-за особенностей жизненных циклов и механизмов популяционной дисперсии у большинства морских животных (наружное оплодотворение, распространение личиночных стадий морскими течениями). Это не позволяет механически экстраполировать данные по гибридизации у континентальных видов на морские объекты. Одной из особенностей гибридизации у морских организмов является тенденция к формированию сериальных (множественных) гибридных зон. Разные гибридные зоны между одними и теми же линиями суть независимые природные эксперименты, позволяющие вычлнить роль стохастических и детерминистских факторов, в том числе, экологических, в ретикулярной эволюции. Поэтому изучение морских моделей должно обогатить знания о гибридизации как эволюционно-генетическом феномене.

Два года назад стало известно, что клональные линии СТС широко циркулируют в морских ценозах, пересекая таксономические границы (Metzger et al. 2016, 2018). СТС – это шестой тип инфекции (после бактерий, вирусов, грибов, животных-паразитов и прионов). СТС – это одноклеточные таксоны высших многоклеточных животных. СТС – это новый вызов в биологии. Гипотеза трансмиссивного рака и порождаемого им «химеризма» никогда не рассматривалась ни нами, ни громадным большинством других морских зоологов, изучающих «естественную гибридизацию» или просто использующих молекулярно-генетические методы. Мы эту проблему осознали, возможно, раньше других.

на английском языке

An impressive advance in hybridization studies of continental species, including *Homo*, highlights the fact that precious little is known about hybridization in the sea and almost nothing about hybridization in Russian seas. This is a large gap in our knowledge. The scale of both natural and “anthropogenic” hybridization (associated with the disruption of biotopic and biogeographic borders) in the sea should be at least as great as in continental ecosystems. Patterns of hybridization and introgression patterns in the sea differ from those in continental species due to characteristics of life cycles and mechanisms of populational dispersion in most marine animals (broadcast spawning, distribution of dispersive stages with sea currents). Therefore, it is impossible to mechanically extrapolate data on hybridization in continental species to a marine object. One of characteristic features of hybridization in marine organisms is a tendency to form serial (multiple) hybrid zones. Different hybrid zones between the same lines are in fact independent natural experiments, making it possible to separate the role of stochastic and deterministic factors, including ecological ones, in reticulate evolution. For this reason, the study of marine models is likely to enrich our knowledge about hybridization as an evolutionary and genetic phenomenon.

Two years ago it transpired that clonal CTC lines broadly circulate in marine cenoses, crossing taxonomic borders (Metzger et al. 2016, 2018). CTC is the 6th type of infection (after bacteria, viruses, fungi, parasites and prions). CTC are unicellular taxa of higher multicellular animals. CTC is a new challenge in biology. Neither we nor most other marine zoologists studying “natural hybridization” or just using molecular-genetic methods have previously considered the hypothesis of transmissible cancer and the resulting “chimerism”. Possibly, we have become aware of this problem before many others.

4.3. Конкретная задача (задачи) в рамках проблемы, на решение которой направлен проект, ее масштаб и комплексность

на русском языке

Ранее мы показали межвидовую гибридизацию у таких обычных обитателей морей Северной Европы как мидии *Mytilus* (Vainola, Strelkov 2011), балтийские ракушки *Macoma* cf. *balthica* (Strelkov et al. 2007) и морские сельди *Clupea* (Laakkonen et al. 2015). В каждом случае, в гибридизацию вступили виды атлантического (*Mytilus edulis*, *Macoma rubra*, *C. harengus*) и тихоокеанского (*Mytilus trossulus*, *Macoma balthica*, *C. pallasii*) происхождения, время дивергенции между которыми оценивается в 1.5-3.5 миллионов лет. Теперь мы хотим развить этот задел, описав паттерны гибридизации и интрогрессии у этих животных во всей Северной Европе и охарактеризовав морфологические и экологические фенотипы гибридов и представителей интрогрессированных популяций.

За два года, прошедших с момента открытия CTC у морских *Bivalvia* (Metzger et al. 2015), это явление описано, в том числе, у *Mya arenaria*, *Cerastoderma edulis*, *Mytilus* spp. и *Macoma* cf. *balthica* (Metzger et al. 2015, 2016, 2018; Paynter et al. 2017; Benadelmouna et al. 2018), то есть у всех крупных литоральных двустворчатых моллюсков, обитающих в северных морях России. Обнаружена возможность горизонтального переноса ретротранспозонов, специфичных для линий CTC, от *Bivalvia* к другим таксонам водных животных (Metzger et al. 2018). В качестве программы-минимум мы хотим, во-первых, отработать методику определения CTC и формально проверить его наличие/отсутствие в региональных популяциях этих животных. Во-вторых, мы хотим учесть гипотезу CTC при получении и интерпретации данных по гибридизации у *Macoma* и, особенно, *Mytilus*. Существует мнение, что популяции *M. trossulus* Северной Европы могут быть источником CTC, распространяющегося в популяциях *M. edulis* Западной Атлантики (Riuet et al. 2017). В качестве программы-максимум, мы хотим поучаствовать в разворачивающейся гонке по изучению CTC, изучив его филогеографию и филогению.

на английском языке

Earlier we showed interspecies hybridization in such common inhabitants of northern European seas as mussels *Mytilus* (Vainola, Strelkov 2011), Baltic clams *Macoma* cf. *balthica* (Strelkov et al. 2007) and marine herrings *Clupea* (Laakkonen et al. 2015). In each case, species of Atlantic (*Mytilus edulis*, *Macoma rubra*, *C. harengus*) and Pacific (*Mytilus trossulus*, *Macoma balthica*, *C. pallasii*) origin hybridized, with the time of divergence between the species being assessed as 1.5-3.5 million years. Now we want to develop this groundwork, describing the patterns of hybridization and introgression in these animals throughout northern Europe and characterizing morphological and ecological phenotypes of hybrids and representatives of introgressed populations.

In less than two years after the discovery of CTC in marine *Bivalvia* (Metzger et al. 2015), this phenomenon was described in *Mya arenaria*, *Cerastoderma edulis*, *Mytilus* spp. and *Macoma* cf. *balthica* (Metzger et al. 2015, 2016, Paynter et al. 2017), that is, in all large intertidal bivalves occurring in northern Russian seas. Horizontal transfer of retrotransposons characteristic for CTC lines between bivalves and multiple phyla of aquatic animals was found (Metzger et al. 2018). As an immediate goal, we want, firstly, to develop the technique of CTC identification and formally test regional populations of these animals for its presence/absence. Secondly, we want to account for the CTC hypothesis during obtaining and interpretation of hybridization data in *Macoma* and, especially, *Mytilus*. There is an opinion that populations of *M. trossulus* in northern Europe may be a source of CTC spreading in populations of *M. edulis* in western Atlantic (Riuet et al. 2017). Our ultimate goal is to participate in the unfolding race of CTC studies and investigate its phylogeography and phylogeny.

4.4. Научная новизна исследований, обоснование достижимости решения поставленной задачи (задач) и возможности получения запланированных результатов

на русском языке

Из четырех направлений проекта, три (1. Анализ паттернов гибридизации и интрогрессии; 2. Описание варьирования фенотипов; 3. Популяционная транскриптомика) полностью посвящены исследованиям гибридизации. Эти направления сформулированы в русле многолетних исследований коллектива и базируются на заделах прошлых лет (см. п. 4.8.). Изучая распределение «криптических» видов *Mytilus*, *Macoma* cf. *balthica* и *Clupea*, паттерны гибридизации и интрогрессии между ними, описывая морфологические и «экологические» фенотипы разных популяций, мы

закрываем пробел в базовых знаниях о трех важнейших видовых комплексах северных морей. Помимо экологической значимости, все наши объекты имеют хозяйственное значение. Мидия – важнейший объект аквакультуры (мировой урожай *Mytilus cf. edulis* 2014 г. 0.2 миллиона тонн, www.fao.org). Морская сельдь – важнейший объект промысла (вылов в Атлантике 2014 г. 1.8 миллиона тонн, www.fao.org). Балтийская ракушка – тест-объект в водной токсикологии (Leiniö, Lehtonen 2005).

В кривом зеркале ограниченных данных, ни одна из наших моделей для изучения гибридизации не похожа на классическую клинальную гибридную зону, свойственную континентальным видам (Barton, Hewitt 1981). У мидий мы видим «многоэтажные» мозаичные гибридные зоны, структурированные в масштабах от сотен километров до единиц метров, при масштабе популяционной дисперсии в десятки километров (Katolikova et al. 2016). У ракушек – парадоксальные «гибридные рои», существующие вне контакта с родительскими формами, и, при этом, близкие к генетическому равновесию (Strelkov et al. 2007). У сельдей – комплексы различающихся по уровню интрогрессии дискретных географических и экологических рас (Laakkonen et al. 2015). Мы предлагаем, во-первых, впервые подробно охарактеризовать эти системы с использованием фенотипических и мультилокусных (геномных) данных. Во-вторых, использовать преимущества этих моделей для изучения структуры и последствий гибридизации и интрогрессии.

И мидии, и сельди, и ракушки вступают (или вступали) в гибридизацию неоднократно в разных областях обширного региона – лучший материал для того, чтобы узнать, в какой степени гибридизация между одними и теми же видами, но в разных местах, приводит к одним и тем же последствиям. Для примера: недавно мы узнали про адаптивную интрогрессию неандертальских генов в наш генофонд (напр., Sankararaman et al. 2014; Simonti et al. 2016). Интересно, если бы предки евразийцев и неандертальцы вступали в гибридизацию неоднократно в разных районах, как мидии, ракушки, сельди, то это всякий раз приводило бы к одним и тем же последствиям, например, к «адаптивной» интрогрессии генов, отвечающих за температурные адаптации, предрасположенность к никотиновой зависимости и депрессии?

Четвертое направление проекта (4. В поисках CTC) – поисковое. В рамках этого направления мы проверяем гипотезу CTC для региональных популяций *Bivalvia*, в частности привлекаем ее для объяснения аномальных «химерных» генотипов, выявленных в региональных гибридных зонах у *Mytilus* (Burzynski et al. 2017, Riquet et al. 2017, Skazina et al. 2017). CTC – это не только новое, почти непознанное явление, но и угроза. В коммерческих популяциях *Bivalvia* CTC может вызывать эпизоотии, имеющие характер стихийных бедствий (Villalba et al. 2001, Metzger et al. 2016). Важно подчеркнуть, что сами по себе, генетический «химеризм» и диссеминированная неоплазия (DN, лейкемия-подобный рак) у наших беспозвоночных объектов – это не новость ни для нас, ни для других. Новизна поставленной задачи – в интерпретации этих явлений.

на английском языке

Out of the four directions of the project, three (1. Analysis of hybridization and introgression patterns; 2. Description of variability of phenotypes; 3. Population transcriptomics) are entirely devoted to hybridization. These directions have formed during long-term research conducted by our scientific team and are based on solid groundwork (see section 4.8). Studying the distribution of “cryptic” species of *Mytilus*, *Macoma cf. balthica* and *Clupea*, their hybridization and introgression patterns and describing morphological and “ecological” phenotypes of different populations, we bridge the gap in the basic knowledge about three most important species complexes of the northern seas. Besides their ecological significance, all our objects have an economic importance. Baltic clams are the model object of aquatic toxicology (Leiniö, Lehtonen 2005). Mussels are extremely important aquaculture objects (worldwide harvest of *Mytilus cf. edulis* in 2014 being 0.2 million tons, www.fao.org). Marine herring is a very important object of commercial fishing (harvest in the Atlantic in 2014 1.8 million tons, www.fao.org).

In the false mirror of limited data, none of our hybridization models is similar to the classical clinal hybrid zone characteristic of continental species (Barton, Hewitt 1981). In mussels we see “multilayered” mosaic hybrid zones structured at a scale of hundreds kilometres to centimetres, with the scale of populational dispersion being tens of kilometres (Katolikova et al. 2016). In clams we see paradoxical “hybrid swarms”, which are out of contact with the parental forms and close to genetic equilibrium (Strelkov et al. 2007). In herrings we see complexes of discrete geographic and ecological races differing as to the introgression level (Laakkonen et al. 2015). We suggest, firstly, to characterize these systems (which, after all, exist in the nature) and to do so in detail, with the use of morphometric and multiloci (genomic) data. Secondly, we suggest to use the advantages of these models for the study of the structure and consequences of hybridization and introgression. Mussels, herrings and clams all hybridize (or have done so) repeatedly in various parts of the region. This provides an excellent material for finding out the extent to which hybridization between the same species but in different areas results in the same consequences. To cite an example: we have recently learned about the adaptive introgression of Neanderthal genes into our gene pool (e.g., Sankararaman et al. 2014; Simonti et al. 2016). Had the ancestors of Eurasians and

Neanderthals hybridized repeatedly in various regions, as mussels, clams and herrings do, would that result each time in the same consequences such as an “adaptive” introgression of genes responsible for temperature adaptations, predisposition to nicotinism and depression? It would be fascinating to know.

The forth direction of the project is a pilot one (3. In search of CTC). We want to test the CTC hypothesis for regional populations of *Bivalvia*. In particular, we use it to explain anomalous “chimeric” genotypes found in regional hybrid zones in *Mytilus* (Burzynski et al. 2017, Riquet et al. 2017, Skazina et al. 2017). CTC is not only a new and almost unknown phenomenon. It is also a threat. In commercial populations of bivalves CTC may cause epizootic diseases bordering on natural disasters (Villalba et al. 2001, Metzger et al. 2016). It should be noted that the presence of genetic chimerism and disseminated neoplasia (DN, leukemia-like cancer) in our invertebrate objects is no news as such. The novelty lies in our interpretation of these phenomena.

4.5. Современное состояние исследований по данной проблеме, основные направления исследований в мировой науке и научные конкуренты

на русском языке

Литература по разным аспектам биологии и экологии *Mytilus*, *Clupea* и *Macoma* необозрима, так же как и литература по проблеме гибридизации и интрогрессии.

Идеи, заявленные в проекте, в первую очередь инспирированы трудами Н. Бартон по теории клинальных гибридных зон (Barton 1979; Barton, Hewitt 1985; Szymura, Barton 1986), Р. Харрисона по теории мозаичных гибридных зон (Harrison 1993; Harrison, Larson 2016), Г. Хьюита (Hewitt 2001, 2011) и Р. Вайнолы (Vainola 2003; Laakkonen 2013) по биогеографическим аспектам гибридизации, М. Арнольда (Arnold 1997, 2015), Л. Рейзенберга (Rieseberg 1997; Payseur, Rieseberg 2016) и О. Сихаузена (Seehausen 2004, 2013) по теории адаптивной интрогрессии и гибридного видообразования, Н. Берне (Bierne et al. 2011, 2013; Fraisse et al. 2016) по теории интрогрессии.

На работах последнего коллектива остановимся подробнее. Они используют в качестве одной из моделей «наших» мидий *Mytilus*. Поэтому мы не можем игнорировать их работы. Они формулируют провокационные вопросы и дают на них неожиданные ответы. Какие эволюционные факторы стоят за генетической (геномной) дивергенцией аллопатрических популяций политипических видов? Неужели мутации, дрейф и отбор, действующие на автохтонную изменчивость? На примере трех пар аллопатрических популяций трех видов мидий (европейская и американская популяции *M. edulis* и *M. trossulus*, атлантическая и средиземноморская популяции *M. galloprovincialis*) они демонстрируют, что львиная доля различий между популяциями определяется дифференциальной интрогрессией генов от других видов. Например, генофонды *M. edulis* и *M. trossulus* как в Америке, так и в Европе, взаимно «загрязнены» чужеродными генами. Причем в двух независимых контактных зонах интрогрессировали, в основном, разные гены (Fraisse et al. 2016).

С чем связана приуроченность «симпатрических» сестринских видов (генетических рас, морф) к разным местообитаниям? Неужели за этим, действительно, стоит «симпатрическое» (экологическое) видообразование? Они моделируют генетическую динамику в системе, сформировавшейся путем случайной колонизации разных участков одной и той же территории двумя видами (мозаика, не связанная с гетерогенностью среды). На границах участков, оккупированных разными видами, формируются гибридные зоны. Гены, отвечающие за универсальные адаптации к гетерогенности среды, легко мигрируют через гибридные зоны, формируя клины частот, согласно этой гетерогенности. Сами же гибридные зоны, представляющие собой мультилокусные клины частот генов, отвечающих за видовую «самость», и сцепленных с ними, хаотично перемещаются в пространстве и стабилизируются только при перекрывании с клинами адаптивных признаков (стабилизация происходит за счет генетического сцепления). Возникает мозаика, связанная с гетерогенностью среды. В разных симуляциях виды делят среду по-разному, «находя» себе «экологические ниши» случайным образом. Примечательно, что для иллюстрации этой теории они привлекли наши, на тот момент очень скудные, данные по мозаичной гибридной зоне между *M. edulis* и *M. trossulus* в водах Кольского полуострова (см. Bierne et al. 2011). Из этого можно сделать, по крайней мере, один вывод: мы работаем с хорошими моделями и претендуем на выполнение актуальных исследований.

Диссеминированная неоплазия (DN, лейкемия-подобный рак) у морских *Bivalvia* (мидий, мий, сердцевидок, гребешков, устриц) давно была известна как смертельная, предположительно, инфекционная болезнь, вызывающая эпизоотии в коммерческих популяциях двустворок (Jones, Sparks 1969; Villalba et al. 2001; Barber 2004; Odintsova et al. 2011). Для песчаной ракушки *Mya arenaria* экспериментально была показана возможность заражения инъекциями гемоцитов больных животных, но не гемолимфой без клеток (McLaughlin et al. 1992; Wineberg et al. 1997; House et al. 1998; Renault, Novoa 2004). В тоже время, в неопластических гемоцитах была отмечена повышенная концентрация фермента обратная транскриптаза (House et al. 1998), что указывает на активность ретровирусов либо ретротранспозонов.

Прорыв в исследованиях был совершен коллективом под руководством иммунолога и вирусолога Стивена Гофа (Stephen P. Goff) из Колумбийского университета. В поисках «раковых ретроэлементов», на первом этапе Гоф с коллегами секвенировали РНК неопластических и нормальных гемоцитов и обнаружили транскрипты неизвестного LTR-ретроэлемента, который они назвали Steamer. Соотношение количества эндогенных копий в здоровых и неопластических клетках было оценено как 2-10 к 150-300. Сайты интеграции Steamer в больных и здоровых клетках разнились. При этом в неопластических клетках разных животных, в том числе из разных популяций, сайты интеграции, в основном, совпадали (Arriagada et al. 2014). Неожиданное единообразное распределение Steamer по геномам злокачественных клеток разных моллюсков навело на гипотезу о трансмиссивном раке (CTC, clonally transmissible cancer), подобном лицевой опухоли тасманийского дьявола (DFTD, Pearse, Swift 2006) или трансмиссивной венерической саркоме собаки (CTVT, Cohen 1985; Murgia et al. 2006). Эта гипотеза была успешно проверена параллельным генотипированием неопластических и здоровых тканей ракушек по микросателлитным и митохондриальным локусам. Оказалось, что генотипы неопластических клеток отличались от генотипов «хозяев». Генотипы неопластических клеток разных моллюсков были сходными, а в одних и тех же географических популяциях – идентичными (Metzger et al. 2015).

Доказав CTC у *M. arenaria*, коллектив Г. Хьюза занялся другими моллюсками, болеющими DN. Было проведено сравнительное генетическое исследование DN у *Cerastoderma edule*, *Mytilus trossulus* и *Polititapes aureus* (Metzger et al. 2016). Гипотеза CTC была подтверждена для всех объектов. Линии CTC у каждого из объектов оказались маркированными оригинальными Steamer – подобными ретроэлементами, и, за исключением *P. aureus*, митохондриальными линиями, родственными видам-хозяевам. Линия CTC у *P. aureus* несла митохондрии, родственные другому литоральному инфаунному двустворчатому моллюску, *Venerupis corrugata*. Эти результаты были интерпретированы как доказательства широкого распространения CTC среди *Bivalvia*, множественности линий CTC, независимого происхождения разных линий, и способности CTC пересекать таксономические границы (Metzger et al. 2016). Со времени опубликования «прорывной» статьи М. Метгзера и соавторов в Nature (<https://www.nature.com/articles/nature18599>) в 2016 г., вышло всего несколько работ по проблеме CTC у морских двустворчатых моллюсков.

А. Паунтер и соавторы (Paynter et al. 2017) искали Steamer методом ПЦР со специфическими праймерами в коллекциях *Bivalvia* Американского музея естественной истории и нашли его, помимо *M. arenaria*, у морских черенков *Ensis directus* и балтийских ракушек *Macoma balthica* из Северного моря. Возможно, эти виды подвержены CTC той же линии, что и *M. arenaria*. Наконец, в последнем исследовании (Metzger et al. 2018) были амплифицированы и секвенированы Steamer-подобные ретротранспозоны уже у 19 видов *Bivalvia*, включая *Dreissena*. Сверх того, используя базу нуклеотидных последовательностей NCBI они выявили Steamer-подобные элементы в геномах многих неродственных организмов, включая рыбу *Danio*, морского ежа, коралла и гемиходату... Филогенетический анализ показал, что разнообразие линий Steamer у этих животных нельзя объяснить иначе, как неоднократным и одновременным горизонтальным переносом. Очевидно, что Steamer-подобные ретротранспозоны, подобно ретровирусам, могут передаваться между организмами и включаться в их геномы. Авторы не озвучивают гипотезу, что вектором передачи может быть CTC.

В статье “Weird genotypes? Don’t discard them, transmissible cancer could be an explanation” (Riquet et al. 2017) французские авторы переосмысливают популяционно-генетические данные по *Mytilus edulis* из Западной Европы, полученные полуколичественным методом би-аллельного SNP-типирования KASP. Они обратили внимание на странные «химерные» генотипы с несбалансированной амплификацией аллелей (такие результаты обычно интерпретируют как ошибки в генотипировании и исключают из анализа). Секвенировав «странных» мидий по митохондриальному признаку, эти авторы нашли у них одновременно митохондрии *M. edulis* и *M. trossulus*, причем нуклеотидные последовательности последних совпали с таковыми CTC *M. trossulus* из Тихого океана. Эти данные позволили сделать заключение, что, вероятно, CTC *M. trossulus* проник в европейские популяции *M. edulis*.

Основные мировые научные конкуренты

Морских биологов много, среди тех из них, кто работает в северной Атлантике, заметную долю составляют ученые, занимающиеся исследованием *Mytilus*, *Clupea*, и *Macoma*. Несколько активно работающих коллективов используют этих животных в качестве моделей для эволюционно-генетических исследований. Это коллективы, возглавляемые следующими коллегами: Романом Венне (Roman Wenne), <http://www.iopan.gda.pl/GenMar/index.html> (молекулярная биогеография; *Mytilus* как модельный объект), Артуром Бужинским (Artur Burzyński), <http://www.iopan.gda.pl/MolBio/index.html> (феномены гетероплазмии и двоякого однородительского наследования митохондрий у *Bivalvia*, балтийская *M. trossulus* как модельный объект), Лифом Андерсоном (Leif Andersson), http://www.imbim.uu.se/Research/+Genomics/Andersson_Leif/ (молекулярные основы адаптации; балтийская сельдь как один из объектов), Эриком Понтом (Eric Pante), <http://lienss.univ-larochelle.fr/Pante-Eric> и Паскаль Гарсия (Pascale Garcia), <http://lienss.univ-larochelle.fr/Garcia-Pascale-Pr1> (биохимические и молекулярные основы адаптации, в первую

очередь, к антропогенным факторам; *Macoma balthica* как модельный объект), Снебором Палсоном (Snæbjörn Pálsson), <https://notendur.hi.is/~snaebj/greinar.htm>, Кристофером Помполу (Christophe Pampoulie), <http://www.ucd.ie/codtrace/Participants/Reykjavik.htm>, Андреем Строгановым (Andrey Stroganov), <http://istina.msu.ru/profile/StroganovAN/> (популяционная структура у морских рыб, *Clupea* как один из объектов), Эйнарсом Нильсеном (Einar Eg Nielsen), <http://www.dtu.dk/english/service/phonebook/person?id=39629&tab=2&qt=dtupublicationquery> (популяционная генетика морских рыб и беспозвоночных, *Clupea* и *Mytilus* как объекты), Николасом Берне (Nicolas Bierne), <http://www.isem.univ-montp2.fr/recherche/teams/integrativegenomics/staff/biernenicolas/?lang=en> (эволюционные последствия гибридизации и интрогрессии, *Mytilus* как излюбленный объект).

Приоритет открытия CTC у морских организмов – у коллектива под руководством Стивена Гофа (Stephen P. Goff) из Колумбийского университета, <http://www.microbiology.columbia.edu/faculty/goff.html>. Другие влиятельные коллеги, серьезно занимающиеся CTC – Антонио Вилалба (Antonio Villalba), соавтор статьи в *Nature* (Metgzer et al. 2016) из Испанского центра морских исследований, https://www.researchgate.net/profile/Antonio_Villalba/contributions, и упомянутый выше французский исследователь Николас Берне. Мы знаем, что Гоф, Вилалба и Биерне нацелились на геномное исследование CTC *Mya*, *Cerastoderma* и *Mytilus*, соответственно.

Из вышеперечисленных, мы выделяем коллективы, группирующиеся вокруг Биерне, Андерсена, Бужинского, Венне и Вилалба, поэтому мы с ними пытаемся сотрудничать. Например, аспирантка Сказина, участник этого проекта, прошла стажировку в Испании по линии стипендиальной программы СПбГУ и Банка Сантандер для молодых ученых (<http://ifea.spbu.ru/santander/>), где освоила методы определения диссеминированной неоплазии у моллюсков под руководством А. Вилалба.

на английском языке

The ideas suggested in this project have been inspired, first of all, by the studies of Barton on the theory of clinal hybrid zones (Barton 1979; Barton, Hewitt 1985; Szymura, Barton 1986), Harrison on the theory of mosaic hybrid zones (Harrison 1993; Harrison, Larson 2016), Hewitt (Hewitt 2001, 2011) and Vainola (Vainola 2003; Laakkonen 2013) on biogeographic aspects of hybridization, Arnold (Arnold 1997, 2015), Rieseberg (Rieseberg 1997; Payseur, Rieseberg 2016) and Seehausen (Seehausen 2004, 2013) on the theory of adaptive introgression and hybrid speciation, Bierne (Bierne et al. 2011, 2013; Fraisse et al. 2016) on the theory of introgression. Let us discuss the research of the latter team in more detail. They use “our” mussels *Mytilus* as a model, so we cannot very well ignore their studies. Moreover, they ask provocative questions and offer unexpected answers.

What evolutionary factors underlie genetic (genomic) divergence of allopatric populations of polytypic species? Surely not mutations, drift and selection, which act upon autochthonous variability? Using evidence from three pairs of allopatric populations of three species of mussels (European and American populations of *M. edulis* and *M. trossulus*, Atlantic and Mediterranean populations of *M. galloprovincialis*), they demonstrate that the lion’s share of differences between populations is determined by a differential introgression of genes from other species. For instance, gene pools of *M. edulis* and *M. trossulus* both in America and in Europe are mutually “polluted” with alien genes. Moreover, mostly different genes introgressed in two independent contact zones (Fraisse et al. 2016).

What is the cause of the association of “sympatric” sister species (genetic races, morphs) with different habitats? Can it be that “sympatric” (ecological) speciation is indeed behind that? These researchers model genetic dynamics in a system formed by random colonization of different areas of the same area by two species (mosaics not associated with the heterogeneity of the environment). At the borders of areas occupied by different species hybrid zones are formed. Genes responsible for adaptations to heterogeneity of the environment easily migrate across hybrid zones, forming frequency clines according to this heterogeneity. Hybrid zones themselves, which are multilocus clines of frequencies of genes responsible for the “selfhood” of the species and linked with them, move chaotically, stabilizing only when they overlap with clines of adaptive characters (stabilization occurs by means of genetic linkage). A mosaics associated with the heterogeneity of the environment arises. In different simulations, species divide the environment in different ways, randomly finding their “ecological niches”. Noteworthy, to illustrate this theory, these researchers also used our (at that time, very scarce) data on the mosaic hybrid zone between *M. edulis* and *M. trossulus* in the waters of the Kola Peninsula (see Bierne et al. 2011). This means that at least one conclusion can be made: we are working with good models and doing important modern research.

A systemic disseminated neoplasia (DN, a leukemia-like cancer) in marine bivalves such as mussels, soft shell clams, cockles, clams, oysters has long been known as fatal, putatively infectious disease. Outbreaks of DN sometimes cause mass mortality (epizootics) in commercial bivalve populations (Jones, Sparks 1969, Villalba et al. 2001, Barber 2004, Odintsova et al. 2011). For soft-shell clam *Mya arenaria* it was demonstrated experimentally that the disease can be transmitted by inoculation of

malignant hemocytes to native mollusks but not cell-free hemolymph of diseased clams (McLaughlin et al. 1992, Wineberg et al. 1997, House et al. 1998, Renault, Novoa 2004). At the same time, the reverse transcriptase activity was detected in neoplastic cells (House et al. 1998) as an indicator of retroelement involvement.

The research group of Stephen P. Goff from the Howard Hughes Medical Institute, Columbia University, made a new breakthrough in a DN research. Searching for cancer retroelements they first sequenced RNA from diseased and normal soft-shell clams and identified a previously unknown LTR-retrotransposon, from the family gypsy, named Steamer, which expression was found to be strongly associated with the disease. In normal cells, the genome contains 2–10 endogenous copies of Steamer in comparison with 150–300 copies in neoplastic cells. Further they discovered that neoplastic hemocytes contain common Steamer integration sites that are not present in normal tissues of diseased animals (Arriagada et al. 2014). They put forward the hypothesis that the unexpected uniform distribution of retrotransposons across the neoplastic genomes of different mollusks is an indicator of clonally transmissible cancer (CTC, like as the Tasmanian devil facial tumor disease, DFTD (Pearse, Swift 2006) or the canine transmissible venereal tumor, CTVT (Cohen 1985, Murgia et al. 2006)). This hypothesis was successfully confirmed by parallel genotyping of neoplastic and normal tissues of clams. Microsatellite and mitochondrial genotypes of neoplastic tissues appeared to be different from that of normal tissues. Genotypes of neoplastic tissues of different “hosts” were similar, even identical in the same geographical populations (Metzger et al. 2015). After CTC was confirmed for *M. arenaria*, a comparative genetic study of DN in other bivalve species - *Cerastoderma edule*, *Mytilus trossulus* and *Politapes aureus* have been performed (Metzger et al. 2016). The hypothesis of CTC was confirmed for all objects. CTC lines of each species were marked by original Steamer-like elements and, except for *P. aureus*, host mitochondria. CTC line founded in *P. aureus* carried mitochondria of the other infaunal bivalve species, *Venerupis corrugata*. These findings were interpreted as follows: CTC is widespread among marine bivalves; there are multiple lineages of CTC originating from different host species; CTC can cross taxonomic borders (Metzger et al. 2016).

Since publication of the above-mentioned breakthrough M. Metzger and co-authors paper in Nature (<https://www.nature.com/articles/nature18599>) in 2016, few publications touched CTC in marine bivalves. A. Paynter and colleagues (2017) searched for Steamer, using PCR with a specific primer approach, in Bivalve collections of the American Museum of Natural History (totally 22 species were studied). Apart from *M. arenaria*, Steamer was founded in the razor clam *Ensis directus* and the Baltic clam *Macoma balthica* from the North Sea. Possibly, these species are diseased by the same CTC lineage as *M. arenaria*. Finally, in the recent study (Metzger et al. 2018) they amplified and sequenced a Steamer-like retrotransposons already from 19 bivalve species. Moreover using the NCBI sequence database they revealed that Steamer-like elements are present in the genomes of completely unrelated organisms, including zebrafish, sea urchin, acorn worms, and coral... Phylogenetic evidence for multiple long-distance cross-phylo horizontal transfer events is provided. These data suggest that over both short- and long-term evolutionary timescales, Steamer-like retrotransposons, much like retroviruses, can move between organisms and integrate new copies into new host genomes. They do not claim that CTC is a vector however.

In the article entitled “Weird genotypes? Don’t discard them, transmissible cancer could be an explanation” Riquet and co-authors (2017) reevaluate population genetic data on *Mytilus edulis* from Western Europe obtained using the semi-quantitative KASP biallelic SNP-genotyping technology. They paid the attention to the unusual chimeric genotypes with imbalance amplification of alleles (such results are usually interpreted as genotyping errors and discarded from the analyses). By mitochondrial sequencing of «strange» mussels, these authors have demonstrated that these mussels are heteroplasmic by *M. edulis* and *M. trossulus* mitochondria, and that nucleotide sequences of the latter are nearly identical to that of the *M. trossulus* CTC line from the Pacific Ocean. These data suggest the possible occurrence of a *M. trossulus* CTC in European *M. edulis* populations.

Many scientists study *Mytilus*, *Clupea*, *Macoma*. The most prominent research groups using these animals as model objects for evolutionary genetic studies are groups of:

Roman Wenne, <http://www.iopan.gda.pl/GenMar/index.html> (molecular biogeography; *Mytilus* as model object), Artur Burzyński, <http://www.iopan.gda.pl/MolBio/index.html> (mitochondrial heteroplasmy and doubly uniparental inheritance of mitochondria in *Bivalvia*, Baltic *M. trossulus* as model object), Leif Andersson, http://www.imbim.uu.se/Research/+Genomics/Andersson_Leif/ (molecular basis of adaptation, Baltic herring as model object), Eric Pante, <http://lienss.univ-larochelle.fr/Pante-Eric>, and Pascale Garcia, <http://lienss.univ-larochelle.fr/Garcia-Pascale-Pr1> (molecular basis of adaptation, Baltic clam as model object), Einar Eg Nielsen, <http://www.dtu.dk/english/service/phonebook/person?id=39629&tab=2&qt=dtupublicationquery>, Snæbjörn Pálsson, <https://notendur.hi.is/~snaebj/greinar.htm>, Christophe Pampoulie, <http://www.ucd.ie/codtrace/Participants/Reykjavik.htm> and Andrey Stroganov, <http://istina.msu.ru/profile/StroganovAN/> (population biology of marine fishes, *Clupea* as one of the objects), Nicolas Bierne, <http://www.isem.univ-montp2.fr/recherche/teams/integrativegenomics/staff/biernenicolas/>

lang=en (evolutionary consequences of hybridization, Mytilus as favorite object).

Stephen P. Goff, <http://www.microbiology.columbia.edu/faculty/goff.html> and his colleagues has a priority in discovery of CTC in marine organisms. Other influential colleagues studying CTC - Antonio Villalba, a co-author of paper in Nature describing CTC (Metgzer et al. 2016), https://www.researchgate.net/profile/Antonio_Villalba/contributions, and Nicolas Bierne (see above). We are aware about plans of Bierne to sequence the genome of CTC line from Mytilus, of Villalba from Cerastoderma and Goff from Mya.

From abovementioned colleagues we particularly recognize groups of Bierne, Villalba, Burzyński and Wenne, and try to collaborate with them.

4.6. Предлагаемые методы и подходы, общий план работы на весь срок выполнения проекта, включая план работы на ОИ (далее – ОИ) и ожидаемые результаты (объемом не менее 2 стр.; в том числе указываются ожидаемые конкретные результаты по годам; общий план дается с разбивкой по годам)

на русском языке

Из четырех направлений проекта, три (1, 2, 3) полностью посвящены исследованиям гибридизации. Эти направления сформулированы в русле многолетних исследований коллектива и базируются на заделах прошлых лет. Четвертое направление – поисковое. Здесь мы проверяем гипотезу CTC (clonally transmissible cancer) для региональных популяций Bivalvia, в частности привлекаем ее для объяснения аномальных «химерных» генотипов, выявленных в региональных гибридных зонах у Mytilus (Burzynski et al. 2017, Riquet et al. 2017, Skazina et al. 2017).

Направление 1. Анализ паттернов гибридизации и интрогрессии. Мы параллельно изучаем три системы, каждая из которых включает популяции родительских видов (в том числе, интрогрессированные) и, в гибридных зонах, гибридов разных поколений. Для удобства изложения, мы различаем интрогрессированные популяции, пусть даже масштаб интрогрессии в их генофонды составляет десятки процентов, и гибридные зоны. Деление условное, а критерий различения относительный: «популяции» близки к генетическому равновесию, в то время как «гибридные зоны» - нет. Гибридные зоны могут быть интерпретированы как смесь гибридов разных поколений и «чистопородных» представителей родительских видов. Интрогрессированные популяции могут быть условно «приписаны» к одному из двух родительских видов, - к тому, чьих генов в их генофонде больше. Это не исключает того, что интрогрессированные популяции, теоретически, могут оказаться новыми гибридными таксонами. Мы ищем ответы на следующие вопросы, используя популяционно-генетические подходы и методы.

Каково географическое и биотопическое распределение родительских видов, где происходит межвидовая гибридизация сегодня и где происходила ранее? В какой степени гибридизация привела к «загрязнению» генофондов родительских популяций «чужеродными» генами? Разнится ли структура интрогрессии в генофондах разных популяций родительских видов (ситуация, когда в разных случаях интрогрессируют разные гены). Как отличить в гибридных зонах гибридов от «чистопородных», учитывая, что интрогрессия «смазывает» видовые различия? Какова генотипическая структура выборок из гибридных зон, и как она меняется в пространстве? Разнится ли структура разных гибридных зон между одними и теми видами? Насколько стабильны гибридные зоны, и каковы механизмы их стабильности/динамики? Как пространственно-временная структура гибридных зон согласуется с базовыми моделями гибридных зон, сформулированными по результатам исследований континентальных видов?

Материал. Основу составят имеющиеся в нашем распоряжении географические сборы, охватывающие весь регион от Балтики до Печоры, и материалы планомерных (с начала 2000х) наблюдений за гибридными зонами у Mytilus и Macoma в Белом и Баренцевом морях. Технически, самой сложной задачей будет сбор недостающего материала по экзотическим расам сельдей, обитающих в скандинавских фиордах. Этот материал мы получим в рамках налаженного сотрудничества с норвежскими коллегами.

Генотипирование. Массовое генотипирование материала по малым наборам (3-10, в зависимости от объекта и задачи) таксономически-информативных признаков, отобранных в ходе предыдущих исследований (митохондриальные маркеры, аллозимы, маркеры ПДРФ, микросателлиты). Генотипирование избранных выборок по большим наборам локусов, для контроля качества малолокусных данных и оценке гетерогенности интрогрессии. Для Mytilus разработаны батареи таксономически-информативных признаков SNP (54 признака, Wenne et al. 2015; 81 признак, Mathiesen et al. 2016; 53 признака, Simon et al. 2018), а для Clupea есть опубликованные геномные данные (C. harengus, pool-seq 8 выборок по 50 особей каждая, Lamichhaney et al. 2012; C. pallasii, 23 транскриптома рыб из 5 популяций, Roberts et al. 2012). Эти данные позволят отобрать наиболее информативные признаки для анализа. В качестве технологий генотипирования рассматриваются секвенирование ампликонов, маркированных SNP (Bentley et al. 2008) с помощью геномного секвенатора Mi Seq (Illumina, США) и (или) конкурентная аллель-специфическая ПЦР (KASP, Semagn et al. 2014) с помощью амплификатора для проведения ПЦР в режиме реального времени (Bio-Rad CFX-96, США) на базе

Научного Парка СПбГУ (<http://researchpark.spbu.ru/equipment-biobank-rus?start=10>). Для третьего объекта, *Macoma cf. balthica*, пригодные для популяционного исследования геномные данные отсутствуют. Этот пробел мы планируем закрыть в рамках второго направления работ.

Статистический и теоретический анализы. Анализ генетической и популяционной структуры материала и вероятностная классификация особей на генотипические классы («чистопородные», гибриды разных поколений) с помощью методов ординации и кластеризации мультилокусных генотипов (напр. PCA в GenAlEx, Peakall, Smouse 2012; BAPS, Jombart et al. 2010; STRUCTURE, Pritchard et al. 2000; New Hybrids, Anderson 2008; ADMIXTURE, Alexander et al. 2009). Описание «внутренней» структуры гибридных зон в терминах уни/бимодальности и пространственной структуры зон в терминах клинальности/мозаичности. Анализ генетических клин (например, CFIT, Gay et al. 2008; HZAR, Derryberry et al. 2014), где он применим. Анализ региональной и биотопической сегрегации генотипов на примере гибридных зон у *Mytilus* и *Macoma* в Белом и Баренцевом морях. Формулирование гипотез о роли популяционной дисперсии, естественного отбора (как зависимого от условий среды обитания, так и независимого), неслучайного выбора местообитаний и неслучайного выбора партнеров для спаривания в формировании структуры гибридных зон и их динамики.

Направление 2. Популяционная транскриптомика *Macoma cf. balthica*.

Основным объектом мультилокусных (геномных) исследований гибридизации будет балтийская ракушка. Мы планируем секвенировать выборки транскриптомов *Macoma* и получить информацию о нескольких тысячах SNP, распределенных в транскрибируемой части генома. На данный момент у нас опубликован аннотированный транскриптом *Macoma balthica*, собранный de novo с помощью программы Trinity и включающий в себя 11 517 аннотированных генов (Yurchenko et al. 2018, проект в NCBI Genbank – PRJNA384460). Этот транскриптом будет служить референсом для выравнивания коротких прочтений и поиска SNP в выборках транскриптомов макомы из разных популяций. Процедура включает три основных этапа: выделение РНК, синтез кДНК, секвенирование на секвенаторе Illumina HiSeq 4000 (Illumina, США) на базе РЦ Биобанк СПбГУ (<http://researchpark.spbu.ru/equipment-biobank-rus?start=5>); картирование коротких прочтений на референсный транскриптом и поиск однонуклеотидных полиморфизмов с помощью пакетов Bowtie2 (Langmead, Salzberg 2012), и Samtools-bcftools (Li et. al. 2009).

При статистическом анализе данных, будут использованы методы, позволяющие учитывать преимущества популяционной транскриптомики, а именно относительную сцепленность фрагментов в геноме и их кодирующую функцию. Для выявления гаплотипов и индивидуальных филогений генов, фрагменты генома будут фазированы на основе вероятностей генотипов в программе BEAGLE (Browning 2007). Затем индивидуальные деревья генов будут сопоставлены с помощью индекса генеалогического сходства (Cumplings et al. 2008). Для выявления общих паттернов гибридизации между различными популяциями будут использованы тесты, основанные на дискордантности популяционных генеалогий (Patterson's D-statistic, Durand et al. 2011; 3- и 4 population test, Reich et al. 2009; f – statistics, Martin et al. 2015). Анализ генов и отдельных SNP, демонстрирующих слишком высокий, либо слишком низкий уровень дифференциации между популяциями (F_{st} – гены-аутлайеры), позволит выявить участки генома, ответственные за репродуктивную изоляцию популяций и за универсальные адаптации, соответственно. Такие варианты будут аннотированы в известные базы данных (GO, KEGG) и рассмотрены как по отдельности, так и в группах генов, выполняющих ту или иную функцию, либо участвующих в одних и тех же метаболических процессах. Из-за высокой степени интрогрессии митохондриального генома *Macoma rubra* в европейские популяции *M. balthica* (Nikula et al. 2007, 2008), эта система представляет собой прекрасный объект для картирования генов и полиморфизмов, вовлеченных в ядерно-митохондриальную несовместимость, с помощью методов admixture mapping (Smith, O'Brien 2005). При анализе истории гибридизации, сложные варианты генных потоков будут тестированы на основе моделей дивергенции популяций при разнонаправленных миграционных потоках между ними. Будут применены модели, реализованные в параллельной версии программы IMa2p (Senthuraman, Hey 2016), а также в программе fastsimcoal2 (Excoffier, Hall 2011), позволяющие моделировать и тестировать сложные демографические сценарии и датировать популяционные события.

Направление 3. Описание варьирования фенотипов. На трех исследуемых системах (мидии, балтийские ракушки, сельди) мы планируем оценить вклад в фенотипическую изменчивость (морфологические и морфофункциональные признаки, характеристики жизненного цикла) двух источников варьирования: (1) «таксономического сродства» (taxonomic affinity) особей, оцененного по вкладу генов родительских видов в их генотипы (как гибридов ранних поколений, так и представителей интрогрессированных популяций), и (2) ключевых экологических градиентов среды (температура, соленость, pH и прочие параметры). У двустворчатых моллюсков мало легко измеряемых признаков, поэтому относительно «бедная» морфология. Главным объектом работ по направлению станет сельдь.

Материал. Тот же, что по направлению 1: генотипированные по малому набору «диагностических» признаков

географические сборы, дополненные, для *Mytilus* и *Macoma*, материалами картирования гибридных зон. Морфологические и функциональные характеристики. Общепринятые в исследованиях сельдей и двустворчатых моллюсков морфологические, морфофункциональные признаки и характеристики жизненного цикла. Помимо этого, мы хотим использовать оригинальные методики - комплекс меристических и пластических признаков, описывающих костные структуры, для сельдей, более 40 признаков (Лайус, 1990, Lajus 1996, 2001), и комплекс признаков внутренней скульптуры раковин, для мидий, 14 признаков (Lajus et. al. 2015). Экологические характеристики. Для географических сборов: базовые характеристики среды, доступные из литературы и открытых баз данных, такие как среднегодовые температура и соленость. Для сельди, все локальные популяции которой каталогизированы (Runnstrom 1941; Tambovtsev 1957; Lajus 1996, 2001), будут использованы дополнительные параметры, такие как время, глубина и субстрат нереста. Для районов мониторинговых наблюдений доступны более подробные характеристики среды, включая соленость, степень прибойности, тип субстрата, биотическое окружение, степень антропогенного влияния. Статистические методы. Будут построены регрессионные модели (включающие случайные эффекты географической локации), описывающие связь морфологических и морфофизиологических характеристик с генетической конституцией особей и экологическими характеристиками мест сбора выборок. Изменчивость морфологических параметров, включая флуктуирующую асимметрию, будет проанализирована с применением дисперсионного анализа и методов многомерной статистики.

Направление 4. В поисках СТС.

Формулируя программу поисковых исследований, мы используем преимущества наших природных моделей. Во-первых, нам доступны все три модельных объекта исследований СТС – двустворчатые моллюски *Mya arenaria*, *Cerastoderma edule* и *Mytilus trossulus* (Metzger et al. 2016), а также *Macoma rubra* и *M. edulis*, для которых присутствие СТС установлено (Paynter et al. 2017, Riquet et al. 2017). Нигде, кроме северо-восточной Европы, *M. arenaria*, *C. edule* и *M. trossulus* вместе не встречаются. Для удобства изложения, мы классифицируем линии СТС по их мтДНК на «родственные» разным двустворчатым моллюскам (*Mya*, *Mytilus*, *Cerastoderma*). Мы отдаем себе отчет, что мигрирующие между разными видами линии СТС могут «воровать» мтДНК хозяев, как это происходит при трансмиссивной венерической опухоли собак (CTVT- canine transmissible venereal tumor) (Strakova et al. 2016), создавая иллюзию родства с хозяевами и недавнего происхождения клеточных линий.

А) Диагностика СТС. Для поиска СТС в региональных популяциях *Bivalvia* будет применен весь арсенал доступных методов диагностики, перечисленных ниже. В качестве источников материала мы будем целенаправленно искать плотные одно- и разновидовые поселения взрослых моллюсков. Хотя экология СТС не изучена, мы предполагаем, во-первых, что СТС, как любая инфекционная болезнь, должен иметь «очаги», во-вторых, что передача СТС между особями может происходить при нересте. Мы выдвигаем гипотезу, что СТС, как и CTVT, - «венерическая» болезнь. Цитологически, СТС можно диагностировать как диссеминированную неоплазию (DN). Для моллюсков с DN характерно наличие циркулирующих в гемолимфе крупных неопластических клеток с увеличенным ядром. С током гемолимфы неопластические клетки разносятся по всему организму и инфильтрируют соединительные ткани (Odintsova et al. 2011, Carballal et al. 2015). Существует три метода диагностирования DN. В рамках первого, препараты соединительных тканей окрашивают с помощью стандартных гистологических методик. Этот метод трудоемок, но позволяет с высокой точностью диагностировать заболевание на всех стадиях его развития. Дополнением к нему может быть гистохимическая окраска на один из маркеров пролиферации – PCNA (proliferating cellular nuclear antigen), который позволяет четко диагностировать быстро делящиеся клетки у двустворчатых моллюсков (Odintsova et al. 2011). Второй способ поиска неопластических клеток основан на анализе препаратов мазков гемоцитов, полученных из гемолимфы моллюсков. Этот способ позволяет провести прижизненную диагностику состояния моллюсков, но эффективен только для идентификации поздних стадий болезни (Carballal et al. 2013). Наконец, использование проточной цитометрии одновременно с использованием маркеров пролиферации на фиксированном материале позволяет оценить уровень плоидности и определить пролиферативную активность в тканях моллюсков. Как и в предыдущем случае, неоплазия надежно детектируется этим методом на поздних стадиях болезни (Vassilenko, Baldwin 2014).

Генетически, СТС можно диагностировать, во-первых, по смешанному сигналу от генотипов хозяина и СТС («сдвоенные генотипы») в пораженных тканях, во-вторых, по наличию онкомаркеров – Steamer-подобных элементов (SLE). Первый подход можно реализовать в форме генотипирования гемолимфы и наименее поражаемых СТС тканей (мышечные ткани) по баркодинговым фрагментам мтДНК, микросателлитным локусам, участкам генов EF1 α и ITS. Поскольку раковые генотипы консервативны (Metzger et al. 2016), можно ожидать, что по мере накопления материала, мы сможем узнавать их. Второй подход основан на амплификации фрагментов ретротранспозонов, маркирующих раковые линии. Для линий СТС, родственных *Mya* (из наших объектов, СТС обнаружен, помимо *M. arenaria*, у *M. rubra*)

это LTR-ретранспозон Steamer, лишенный гена env (т.е. не способный самостоятельно заражать клетки). Для линий CTC, родственных Mytilus и Cerastoderma, это Steamer-подобные ретротранспозоны. Нуклеотидные последовательности всех элементов ретротранспозонов опубликованы, для Steamer разработаны специфические праймеры, для Steamer-подобных – вырожденные праймеры (Arriagada et al. 2014, Metzger et al. 2016, Paynter et al. 2017, Metzger et al. 2018).

Б) Проверка гипотезы о связи нарушений двоякого однородительского наследования мтДНК с CTC. У Bivalvia, в норме, двоякое однородительское наследование мтДНК (doubly uniparental inheritance, DUI). У животных с DUI два дифференцированных митохондриальных генома, женский (F), передающийся от матерей всем потомкам, и мужской (M), передающийся от отцов сыновьям. Самцы гетероплазмичны (F, M), самки гомоплазмичны (F) (Breton et al. 2007, Zouros 2013). У мидий из Северной Европы описаны необычные нарушения DUI – множественность M и (или) F мтДНК у одних и тех же особей, т.е. гетероплазмия второго порядка (Śmietanka, Burzyński 2017). Мы это видим и в своем материале. Например, F мтДНК M. trossulus в дополнение к полному комплекту поло-специфичных митохондрий (F, M) M. edulis у самцов с ядерными генотипами «чистопородных» M. edulis (Skazina et al. 2017). Появление этих «химер» можно объяснять интрогрессией и нарушением DUI. А можно CTC, тем более, что именно такие генотипы мтДНК имели ядерные «химеры», найденные в западноевропейских популяциях M. edulis (Riquet et al. 2017). Эти гипотезы мы хотим проверить, продолжив свои исследования сегрегации мтДНК в гибридных зонах обитания мидии. Для этого мы проведем дополнительные сборы из популяций, где нами обнаружены митохондриальные «химеры». Проведем диагностику CTC цитологическими методами. В случае обнаружения неопластических клеток, уточним диагноз генетически (методы см. 4.А). Участки M- и F- мтДНК в гемолимфе больных мидий будут амплифицированы со специфическими праймерами (Rawson et al. 2005, 2009, Burzynski et al. 2006, Filipowicz et al. 2008). Смесь ПЦР-продуктов, полученная от каждой особи, будет разделена в ходе молекулярного клонирования и секвенирована. Полученные нуклеотидные последовательности будут сопоставлены друг с другом и с опубликованными последовательностями мидий и раковых линий этих моллюсков. Это позволит различить митохондриальную филогению CTC мидий и филогению самих мидий, в частности, проверить гипотезу (Metzger et al. 2016, Riquet et al. 2017), что линии мтДНК CTC, родственного M. trossulus, формируют отдельную кладу на филогении M. trossulus.

В) Транскриптомика CTC. Мы планируем секвенировать транскриптомы гемолимфы больных и здоровых животных для сравнительного анализа их структуры и генной экспрессии. Это будет первая попытка проникнуть в ядерный геном трансмиссионного рака беспозвоночных. После секвенирования, короткие прочтения будут выравнены на референсный транскриптом. Анализ дифференциальной генной экспрессии между образцами будет проведен с помощью программы DESeq2 (Love et al. 2014), оптимизированной для работы с малыми выборками. Гены, демонстрирующие наибольшие различия в экспрессии, будут аннотированы с помощью баз генной онтологии и метаболических путей (GO, Ashburner et al. 2000; KEGG, Kanehisa et al. 2015). Сравнительный анализ однонуклеотидных полиморфизмов между транскриптомами позволит оценить уровень генетической дивергенции между ними.

Содержание работ и ожидаемые результаты по годам.

Работы по направлению 1 в значительной степени базируются на заделах. У нас есть основные материалы (первичные генетические данные, крио-коллекции) для лабораторной и теоретической работы. Мы ее выполним в 2019-2020 (Mytilus), 2020-2021 (Macoma) и 2019-2022 (Clupea). На те же годы планируется завершение геногеографического исследования, начатого в предыдущих исследованиях (Strelkov et al. 2008, Nikula et al. 2008, Vainola, Strelkov 2011, Laakkonen et al. 2013, 2015).

Направление 2. Секвенирование транскриптомов Macoma balthica, биоинформационный и популяционно-генетический анализ полученных данных отнесены на 2019-2021.

Направление 3. Морфологический анализ объектов в 2019-2021 гг.

Направление 4. Основные работы по пункту А - в 2019-2020 гг., по пункту Б, частично обеспеченного заделами, - в 2020-2021 гг. Относительно выполнения пункта В (анализ транскриптома трансмиссионного рака моллюсков) мы должны уточнить свое планирование. Во-первых, мы не просим отдельных денег на геномное исследование CTC. Если до конца 2020 г. мы соберем достаточный материал для исследования CTC, то проведем его за счет сокращения, в разумных пределах, объема транскриптомного исследования Macoma. Во-вторых, осознавая плотную конкуренцию, при планировании исследования мы будем учитывать результаты параллельных исследований Mya, Mytilus и Cerastoderma в Нью-Йорке, Монпелье и Мадриде, соответственно (см. п. 4.6).

на английском языке

Out of the four project directions, three (1, 2, 3) are entirely devoted to hybridization studies. These directions have formed in the course of long-term research of our team and are based on solid groundwork. The fourth direction is a pilot one. We test the CTC hypothesis for regional populations of Bivalvia, using it, in particular, for explaining anomalous “chimeric” genotypes found in regional hybrid zones in Mytilus (Burzynski et al. 2017, Riquet et al. 2017, Skazina et al. 2017).

Direction 1. Description of patterns of hybridization and introgression. We study in parallel three systems, each including populations of parent species (also introgressed ones) and, in hybrid zones, hybrids of early (and different) generations. For clarity, we make a distinction between introgressed populations (even if the scale of introgression into their gene pool makes up tens of per cent) and hybrid zones. This division is rather loose and the underlying criterion is relative: “populations” are close to genetic equilibrium while “hybrid zones” are not. A hybrid zone may be considered as a mixture of hybrids and “thoroughbreds”. Introgressed populations may be attributed, with some qualifications, to one of the two parent species: to that whose genes are more numerous in their gene pool. This does not rule out the possibility that introgressed populations may evolve into new hybrid taxa. We search for answers to the following questions using the following approaches: What is the geographic and biotopic distribution of parent species? Where are species hybridizing now and (or) have they done so before? To what extent has hybridization resulted in the “pollution” of the gene pools of parent populations with “alien” genes? Is the structure of introgression into the gene pools of different populations different (in case of situations when introgression involves different genes in different cases)? How can we distinguish hybrid genotypes from “thoroughbred” representatives of hybridizing populations, and the latter among themselves, in hybrid zones (taking into account that introgression blurs species differences?). What is the “internal” (distribution of genotype frequencies within samples) and spatial (distribution of gene and genotype frequencies between samples) structure of hybrid zones? Does the structure of different hybrid zones differ between the same lineages? How stable are hybrid zones at the ecological time scale and what are the mechanisms of their stability? How does spatial-temporal structure of hybrid zones agree with the basic models of hybrid zones based on evidence from continental species?

Material. Most of the material will be represented by geographic collections ranging from the Baltic to the Pechora Sea and by materials of systematic observations (since early 2000s) on hybrid zones in *Mytilus* and *Macoma* in the White and the Barents Seas. Technically, the most complicated task will be to collect material on exotic races of herrings from Scandinavian fjords. This material will be obtained owing to a well-established collaboration with our Norwegian colleagues.

Genotyping. Mass genotyping of material on small set of loci (3-10 depending on the object and the task) of taxonomically informative characters revealed in previous research, diagnostic or semi-diagnostic for allopatric populations of hybridizing species (mitochondrial markers, allozymes, RFLP markers, microsatellites). Genotyping of selected samples or subsamples of large sets of loci for controlling the quality of data based on small numbers of loci and the assessment of heterogeneity of introgression. For *Mytilus*, sets of taxonomically important SNP characters were developed (54 characters, Wenne et al. 2015; 81, Mathiesen et al. 2016, 111, Riquet et al. 2016), while for *Clupea* published genomic data are available (*C. harengus*, pool-seq 8 samples, 50 individuals each, Lamichhaney et al. 2012; *C. pallasii*, 23 transcriptomes of fish from 5 populations, Roberts et al. 2012). Based on these resources, the best characters for analysis will be chosen. As the genotyping technique, we have chosen sequencing of amplicons marked with SNP (Bentley et al., 2008) with the help of MiSeq genome sequencer (Illumina) on the basis of the Research Park of the St Petersburg State University (<http://researchpark.spbu.ru/equipment-biobank-rus?start=10>). For the third object, *Macoma cf. balthica*, genomic resources suitable for a populational study are lacking. We plan to fill this gap within the second research direction.

Statistical and theoretical analyses. Analysis of genetic and population structure of the material and probabilistic classification of individuals into genotypic classes (“thoroughbreds”, hybrids of different generations) with the help of method of ordination and clusterization of multilocus genotypes (e.g. PCA in GenALEx, Peakall, Smouse 2012; BAPS, Jombart et al. 2010; STRUCTURE, Pritchard et al. 2000; New Hybrids, Anderson 2008; ADMIXTURE, Alexander et al. 2009).

Description of “internal” structure of hybrid zones in terms of uni/bimodality and their spatial structure in terms of clinality/mosaicity. The analysis of genetic clines (e.g. CFIT, Gay et al. 2008; HZAR, Derryberry et al. 2014) where applicable. Analysis of regional and biotopic segregation of genotypes using evidence from hybrid zones in *Mytilus* and *Macoma* in the White and the Barents Sea. Postulating hypotheses about the role of population dispersion, natural selection (dependent or independent on environmental conditions), non-random choice of habitats and non-random choice of sexual partners in the formation of the structure of hybrid zones and their dynamics.

Direction 2. Population transcriptomics of *Macoma cf. balthica*.

The Baltic clam will be the main object of the multiloci (genomic) hybridization studies. We plan to sequence samples of *Macoma* transcriptomes and obtain information about several thousand SNPs from the transcribed part of the genome. We are currently preparing for publication an annotated transcriptome of *Macoma balthica* assembled *de novo* with the help of Trinity software package and including 11 517 annotated genes (NCBI Genbank project PRJNA384460). This transcriptome will serve as a reference for aligning short reads and searching for SNPs in transcriptome samples of *Macoma* from different population. The procedure of obtaining primary data consists of three stages: RNA isolation, cDNA synthesis, sequencing using the Illumina HiSeq 4000 sequencer on the basis of “Biobank” Research Centre of the St Petersburg State University (<http://researchpark.spbu.ru/equipment-biobank-rus?start=5>); mapping of short reads on the reference transcriptome and the search for SNPs with the help of Bowtie2 (Langmead, Salzberg 2012) and Samtools-bcftools (Li et. al. 2009) packages.

For statistical analysis, we will use the methods making the best of the advantages of population transcriptomics, that is, a relative association of fragments in the genome and the coding function. To reveal haplotypes and individual phylogenies, SNP will be phased based on genotypes' probabilities in BEAGLE software (Browning 2007). After that, individual trees of genes will be compared with the use of the genealogical similarity index (Cummings et al. 2008). To reveal general patterns of hybridization between different populations, we will use tests based on the discordance of population genealogies (Patterson's D-statistic, Durand et al. 2011; 3- and 4 population test, Reich et al. 2009; f – statistics, Martin et al. 2015). The analysis of genes and individual SNPs demonstrating an exceptionally high or an exceptionally low level of differentiation between populations (Fst-outliers) will make it possible to reveal genome areas responsible, respectively, for the reproductive isolation of the population and for universal adaptations. These variants will be thoroughly annotated with the use of available databases (GO, Ashburner et al. 2000; KEGG, Kanehisa et al. 2017) and considered both separately and in groups of genes responsible for a certain function or involved in the same metabolic processes. Owing to a high level of introgression of the mitochondrial genome of *M. b. rubra* into European populations of *M. b. balthica* (Nikula et al. 2007, 2008), this system is an excellent object for mapping genes and polymorphisms involved in nuclear-mitochondrial incompatibility with the help of admixture mapping (Smith, O'Brien 2005). When analysing hybridization history, complex variants of gene flows will be tested based on the models of population divergence with variously directed migration flows between them. We will use models implemented in the parallel version of IMA2p software (Senthuraman, Hey 2016) as well as in fastsimcoal2 (Excoffier, Fall 2011), which make it possible to model and test complex demographic scenarios and date population events.

Direction 3. Description of variability of morphological phenotypes. For three systems under study (mussel, Macoma, herring), we plan to assess the contribution into phenotypic variability (morphological and morphofunctional characters, life cycle characteristics) of two variation sources: (1) taxonomic affinity of individuals assessed based on the contribution of parent species genes into their genotypes (both hybrids of earlier generations and representatives of introgressed population) and (2) key environmental ecological gradients (temperature, salinity, etc.). As bivalves have a "poor" morphology (few easily measured characters), herring will be the key object of research in this direction.

Materials. The same as in direction 1: geographic collections genotyped based on a small set of "diagnostic" characters and supplemented, for *Mytilus* and *Macoma*, with materials on hybrid zones mapping.

Characters. Morphological and morphofunctional characters as well as life cycle characteristics generally used in studies of herrings and bivalves. Besides, we want to use original techniques: a large complex of meristic and plastic characters describing bony structures for herrings (more than 40 characters, Lajus, 1990, 1996; Lajus 1996, 2001, 2002) and a complex of characters of internal shell sculpture for mussels (14 characters, Lajus et al. 2015).

Ecological characteristics. For geographic collections: basic characteristics of the environment available from the literature and open databases such as average annual temperature and salinity. For herring, whose local populations have all been catalogued (e.g., Runnstrom 1941; Tambovtsev 1957; Lajus 2002, 2006), also time, depth and substrate of spawning etc. For regions of monitoring observations more detailed characteristics of the environment are available, including local salinity, exposure, substrate type, biotic surroundings and degree of anthropogenic influence.

Statistical methods. Regression models will be constructed (including random effects of geographic location) describing the connection between morphological and morphophysiological characteristics with the genetic constitution of individuals and ecological characteristics of sampling sites. Variability of morphological characters, including fluctuating asymmetry, will be analysed with the help of dispersion analysis and multivariate statistics methods.

Direction 4. In search of CTC.

Developing the programme of pilot studies, we use the advantages of our natural models. Firstly, we have at our disposal all the three model objects of CTC studies (*Mya arenaria*, *Cerastoderma edule* and *Mytilus trossulus* [Metzger et al. 2016]) as well as *Macoma rubra* and *M. edulis*, for which CTC has been shown (Paynter et al. 2017, Riquet et al. 2017). *M. arenaria*, *C. edule* and *M. trossulus* co-occur in north-eastern Europe and nowhere else. Secondly, we have sympatric populations of *M. trossulus* and *M. edulis*, in which, according to preliminary data, CTC lineages related to *M. trossulus* circulate (Riquet et al. 2017). For clarity, we classify CTC lineages into "related" to *Mya*, *Mytilus* and *Cerastoderma* according to their mtDNA. We are aware that lineages migrating between different species may "borrow" host mtDNA, as CTVT also do (Strakova et al. 2016), producing an illusion of relatedness with the host and a recent origin of lineages.

A) Diagnostics of CTC. To search for CTC in regional populations of Bivalvia, we will use the entire toolkit of diagnostic methods listed below. We will specially look for dense single-species and multi-species settlements of molluscs as a source of material. Though CTC ecology is unstudied, we assume, firstly, that CTC, as any transmissible disease, should have infection foci and, secondly, that CTC is transmitted between individuals during spawning, when molluscs loose many cells. We think that CTC, similarly to canine transmissible venereal tumour (CTVT), is a "venereal" disease.

Cytologically, CTC is diagnosed as a disseminated neoplasia (DN). Molluscs with DN typically possess large neoplastic cells

with an enlarged nucleus. These cells circulate in the hemolymph and are carried with it across the organism infiltrating connective tissues (Odintsova et al. 2011, Carballal et al. 2015). Two techniques for DN diagnostics are available. According to the first, preparations of connective tissues are stained with the use of standard histological methods. This technique is effort-consuming but allows an accurate identification of the disease at all stages. It can be supplemented with histochemical staining for one of proliferation markers – PCNA (proliferating cellular nuclear antigen), allowing a clear diagnostics of rapidly proliferating cells (Odintsova et al. 2011). The second technique is based on the analysis of preparations of monolayers of hemocytes obtained from the molluscan hemolymph. This effective techniques allows a vital diagnostics of the state of the molluscs but can be reliably used only for the identification of late stages of the disease (Carballal et al., 2013).

Genetically, CTC is diagnosed, firstly, by the mixed signal from the genotypes of the host and the CTC (“doubled genotypes”) in affected tissues and, secondly, by the presence of oncomarkers, Steamer-like elements (SLE). The first approach is implemented as parallel genotyping of the hemolymph and the tissues least affected by (muscles) on the basis of bar-coding mtDNA fragments, microsatellite loci, fragments of EF1 α and ITS genes using standard methods (see. e.g., Metzger et al. 2016). Since cancer genotypes are conservative (limited number of lineages, Metzger et al. 2016), we expect that we would be able to recognise them as more material is accumulated. The second approach is based on the amplification of fragments of retrotransposons marking cancer lineages. For CTC lineages related to *Mya* (noted, among our objects, in *M. rubra* in addition to *M. arenaria*), this is an LTR-retrotransposon Steamer lacking the *env* gene (i.e. unable to infect cells on its own). For CTC lineages related to *Mytilus* and *Cerastoderma*, these are Steamer-like retrotransposons. Nucleotide sequences of all these elements have been published, and specific primers for Steamer are available (Arriagada et al. 2014, Metzger et al. 2016, Paynter et al. 2017).

B) Normally, *Bivalvia* are characterised by a doubly uniparental inheritance of mtDNA (DUI). Animals with DUI have two differentiated mtDNA genomes: the female one (F) inherited by all progeny from the mother and the male one (M) inherited by sons from fathers. Males are heteroplasmic (F, M), while females are homoplasmic (F) (Breton et al. 2007, Zouros 2013). Unusual DUI disorders have been described in mussels from northern Europe: multiple M and (or) F mtDNA in the same individuals, that is, second order heteroplasmy (Śmietanka, Burzyński 2017). We have observed this phenomenon in our material too. For instance, F mtDNA of *M. trossulus* in addition to the full set of sex-specific mitochondria (F, M) of *M. edulis* in males with nuclear genotypes of thoroughbred *M. edulis* (Skazina et al. 2017). These “chimeras” may be explained by introgression and DUI disorders. Alternatively, they may be explained by CTC. The latter explanation seems all the more probable since nuclear “chimeras” from western European populations of *M. edulis* have exactly such mtDNA genotypes (Riquet et al. 2017). We want to test these hypotheses in our further studies of mtDNA segregation in hybrid zones in *Mytilus*. We will make additional collections from populations where mitochondrial “chimeras” were found. We will diagnose CTC with the help of cytological methods. If we find neoplastic cells, we will verify the diagnosis genetically (see 4.A for methods). Fragments of M- and F- mtDNA in the hemolymph of affected mussels will be amplified with specific primers (Rawson et al. 2005, 2009, Burzynski et al. 2006, Filipowicz et al. 2008). The mixture of PCR products obtained from each individual will be separated in the course of molecular cloning and sequenced. Nucleotide sequences obtained in this way will be compared with each other and with the published sequences of mussels and cancer lineages. In this way, we will be able to separate mitochondrial phylogeny of CTC from mussels and the phylogeny of mussels themselves, in particular, to test the hypothesis (Metzger et al. 2016, Riquet et al. 2017) that mtDNA lineages of CTC related to *M. trossulus* form a separate clade on *M. trossulus* phylogeny.

C) If we find CTC in one or several species, we will sequence the transcriptomes of the hemocytes of affected and healthy individuals for comparative analysis of their structure and gene expression. This will be a pioneering attempt to penetrate the nuclear genome of CTC of invertebrates. After sequencing, short reads will be aligned for the reference transcriptome. The analysis of differential gene expression between samples will be conducted with the help of DESeq2 software (Love et al. 2014) optimised for working with small samples. Genes demonstrating the greatest differences in expression will be annotated with the help of gene ontology and metabolic pathways databases (GO, Ashburner et al. 2000; KEGG, Kanehisa et al. 2015). Comparative analysis of SNPs between transcriptomes would make it possible to assess the level of genetic divergence between them.

Scope of work and expected results year by year.

The works in direction 1 are mainly based on groundworks. The main materials for completing of the study (such as initial genetic data, krio-collections) are available. It will be done in 2019-2020 (*Mytilus*), 2020-2021 (*Macoma*) and 2019-2022 (*Clupea*). The same schedule will be kept for geographical investigations started in our previous works (Strelkov et al. 2008, Nikula et al. 2008, Vainola, Strelkov 2011, Laakkonen et al. 2013, 2015).

Direction 2. Sequencing of *Macoma* transcriptomes, bioinformatic and population genomic analysis of the data obtained will be carried out in 2019-2021.

Direction 3. Morphological analysis is planned for 2019-2021.

Direction 4. Main works on #A will be carried out in 2019-2020, #B is partially based on groundworks and will be complete in 2020-2021. A planning on #C (mollusks CTC transcriptome analysis) will be specified during the project. First of all, we don't ask funding for genomic studies of CTC. If we happen to collect a sufficient material for this study by the end of 2020, it will be complete through a reasonable reduction of works on transcriptome of *Macoma*. Second, in conditions of strong competition, a current planning will be modified with due regard for results of parallel studies of *Mya*, *Mytilus* и *Cerastoderma* carried out in New-York, Montpellier and Madrid, correspondingly (see #4.6).

4.7. Имеющийся у научного коллектива научный задел по проекту (указываются полученные ранее результаты, разработанные программы и методы)

Нами была показана межвидовая гибридизация у мидий *Mytilus* (Vainola, Strelkov 2011; Katolikova et al. 2016), балтийских ракушек *Macoma cf. balthica* (Strelkov et al. 2007; Nikula et al. 2007, 2008) и морских сельдей *Clupea* (Laakkonen et al. 2015) в северных морях Европы. Гибридирующие сельди (*C. pallasii*, *C. harengus*), ракушки (*Macoma balthica*, *M. rubra*) и мидии (*Mytilus edulis*, *M. trossulus*) – наши выстраданные модели для изучения гибридизации. Нами была разработана процедура морфологического анализа сельдей *C. pallasii* (Лайус 1990, 1996; Lajus 1996, 2001, 2002) и мидий *M. edulis* (Католикова и др. 2005; Lajus et al. 2015), включая выбор признаков и процедуру статистического анализа, позволяющую оценить ошибку измерения признаков, вычленив факториальную и стохастическую компоненты изменчивости.

Нами накоплен большой опыт в идентификации неоплазий моллюсков Японского моря, в том числе, *Mytilus trossulus* (Odintsova et al. 2011). Аспирант Сказина, участник проекта, прошла стажировку в университете Виго, Испания, по линии стипендиальной программы СПбГУ и Банка Сантандер для молодых ученых, <http://ifea.spbu.ru/santander/>, где освоила методы определения диссеминированной неоплазии у моллюсков в лаборатории первооткрывателей трансмиссивного рака у двустворчатых моллюсков (см. также п. 4.6 заявки).

А.А. Юрченко, как биоинформатик и эволюционный генетик, участвовал во многих геномных проектах (Spencer et al. 2015, Koepli et al. 2015; Kim et al. 2016, Choo et al. 2016; Vij et al. 2016; Dobrynin et al. 2015; Yurchenko et al. 2018). В этом году он завершил работу над аннотацией транскриптома *Macoma balthica* (Yurchenko et al. 2018, doi: 10.1016/j.margen.2018.03.007, проект в NCBI Genbank – PRINA384460). М.А. Майорова в 2018 году завершает аннотирование транскриптома мидии *Mytilus trossulus* из Японского моря. Данные получены на секваторах MiSeq и HiSeq и депонированы в NCBI Genbank (ac. number SRP 137045).

Мы понимаем, что наш проект выглядит тяжеловесным, оттого сложно выполнимым. На самом деле мы хорошо подготовились. У нас есть большие опубликованные и неопубликованные заделы данных, и большие коллекции. Направление 1 и 3. Материал по *Macoma* и *Mytilus* для географического исследования собран. Результаты генотипирования по малым наборам локусов, в основном, опубликованы (Vainola, Strelkov 2011; Katolikova et al. 2016; Strelkov et al. 2007; Nikula et al. 2007, 2008). Крупнейшим белым пятном остаются популяции мидий скандинавского берега. На карте на стр. 1 Приложения показаны места сбора еще не изученных выборок 2014-16 гг. сбора, на фоне опубликованных заделов. Имеющиеся в наличии коллекции сельди охватывают Белое, Печорское и Баренцево моря (первичные материалы публикаций: Laakkonen et al. 2013, 2015; Стрелков и др. 2016). Этого более чем достаточно для того, чтобы начать исследование. Отсутствующие в коллекциях сельди Скандинавского берега будут добыты в рамках уже налаженного сотрудничества (драматические обстоятельства см. Стрелков и др. 2016).

Динамику гибридных зон у долгоживущих организмов нельзя изучить в рамках трехлетнего проекта. На стр. 2 Приложения мы показываем свои неопубликованные данные по пространственно-временной динамике мозаичной гибридной зоны между *M. edulis* и *M. trossulus* в Кольском заливе и окрестностях: без малого 80 выборок, 10000 особей, генотипированных по четырем локусам, 15 лет наблюдений. Эти данные мы хотим, наконец, обобщить. Аналогичные, но более компактные данные есть по макоме в Белом море.

Направление 2. Примериваясь к геномному исследованию *Macoma*, мы апробировали методы SNP анализа для этих животных. Сперва разработали маленькую батарею случайных признаков SNP (16 признаков) на базе опубликованных транскриптомов ракушек из западно-европейских популяций (секвенирование мешаных выборок, Pante et al. 2013) и приложили ее к выборкам из контрастных регионов (западная Пацифика, Белое море, Балтика, восточная Атлантика) и местообитаний (низкая, высокая соленость в Белом море), параллельно изученных аллозимами. Потом отсековировали транскриптомы 22 особей (по несколько из каждой популяции; те же методы, что заявлены в проекте), выявили в этих данных 2500 признаков и сравнили особей по этим признакам. Графики на стр. 3 Приложения демонстрируют, как меняется ординация выборок и особей из разных популяций в зависимости от количества и «качества» признаков. Направление 4. Формулируя программу изучения CTC в популяциях мидий и сердцевидок северных морей, мы озаботились контрольным материалом - выборками из пораженных заболеванием европейских популяций.

Фотографии гистологических препаратов на стр. 4 Приложения иллюстрируют, как выглядят больные и здоровые особи. Эти сборы послужат для отработки молекулярно-генетических методик диагностики СТС.

4.8. Перечень оборудования, материалов, информационных и других ресурсов, имеющихся у научного коллектива для выполнения проекта (в том числе – описывается необходимость их использования для реализации проекта)

В проекте участвуют сотрудники четырех организаций – Санкт-Петербургского государственного Университета (СПбГУ), Национального научного центра морской биологии ДВО РАН (ННЦМБ), ФГБУН "Мурманский морской биологический институт" Кольского научного центра РАН (ММБИ) и ФИЦ Институт цитологии и генетики СО РАН (ИЦиГ). Благодаря наличию в Научном парке СПбГУ биомедицинских ресурсных центров (РЦ, researchpark.spbu.ru/), доступных для исполнителей НИР на условиях оплаты расходных материалов, сложные генетические анализы – фрагментный анализ на капиллярном секвенаторе, капиллярное и NGS (ABI IonTorrent, Illumina HiSeq 2500, MiSeq Sequencing System) секвенирование будет проведено на базе РЦ. Далее, в распоряжении коллектива находится оборудованная ПЦР лаборатория, являющаяся частью РЦ, где мы проводим аллозимный анализ, амплификацию и фрагментный анализ в агарозе и полиакриламиде. Все необходимые ресурсы для биоинформационного и популяционно-генетического анализа данных доступны в СПбГУ, ННЦМБ и ИЦиГ. Сложные микроскопические и гистологические анализы будут проводиться на базе РЦ СПбГУ, а также Лаборатории клеточных технологий ННЦМБ ДВО РАН. СПбГУ, ММБИ и ННЦМБ ДВО РАН имеют оборудованные полевые стационары на Белом, Баренцевом и Японских морях. Помимо этого, у нас есть оборудование для автономных прибрежных исследований (снасти, лодки, т. пр.).

4.9. Обоснование необходимости использования данного ОИ. Решаемые с использованием ОИ задачи

В том числе обоснование критической важности использования ОИ для проекта.

Все инструментальные анализы, заявленные в проекте, - гистологические, цитологические (проточная цитометрия, BD FACSAria™ III; инвертированный микроскоп, Leica DM IL LED Fluor; ротационный микротом Leica RM2265), простые генетические анализы (аллозимный анализ, амплификация, фрагментный анализ в агарозе и полиакриламиде) и сложные генетические анализы - фрагментный анализ на капиллярном секвенаторе, ПЦР в реальном времени (Bio-Rad CFX-96), капиллярное и NGS (ABI IonTorrent, Illumina HiSeq 2500, MiSeq Sequencing System) секвенирование будут проводиться на базе ОИ.

С инженерами ОИ мы прошли большой путь адаптации сложных методик к нашим объектам. Ниже приведены наши работы, в которых ОИ указан как место выполнения специальных анализов, заявленных в проекте:

Фрагментный (микросателлитный) анализ рыб на капиллярном секвенаторе: Andreev V., Fokin M., Mugue N., Strelkov P. Long-term persistence and evolutionary divergence of a marine fish population with a very small effective population size (Kildin cod *Gadus morhua kildinensis*) // Marine Biology, 2015. – Vol. 162, – № 5. – P. 979–992 doi:10.1007/s00227-015-2642-8 IF=2.136 Q1(2017)

Капиллярное секвенирование митохондриальных генов моллюсков: Genelt-Yanovskiy E., Nazarova S., Tarasov O., Mikhailova N., Strelkov P. Phylogeography of the temperate marine bivalve *Cerastoderma edule* (Linnaeus, 1758) (Bivalvia: Cardiidae) in the Subarctic: Unique diversity and strong population structuring at different spatial scales // J Zool Syst Evol Res, 2018. <https://doi.org/10.1111/jzs.12231> IF=3.286 Q1(2017)

Фрагментный (AFLP) анализ моллюсков в полиакриламиде. Khaitov V., Makarycheva A., Gantsevich M., Lentsman N., Skazina M., Gagarina A., Katolikova M., Strelkov P. Discriminating Eaters: Sea Stars *Asterias rubens* L. Feed Preferably on *Mytilus trossulus* Gould in Mixed Stocks of *Mytilus trossulus* and *Mytilus edulis* L. // The Biological Bulletin, 2018. - Vol. 234, N. 2 - P. 85-95. <https://doi.org/10.1086/697944> IF=1.950 Q1(2017)

NGS (Illumina HiSeq 2500) секвенирование транскриптомов моллюсков. Yurchenko A.A., Katolikova N., Polev D.E., Shcherbakova I., Strelkov P. Transcriptome of the bivalve *Limecola balthica* L. from Western Pacific: A new resource for studies of European populations // Marine genomics, 2018. <https://doi.org/10.1016/j.margen.2018.03.007> IF=1.937 Q1(2017)

4.10. План работы на первый год выполнения проекта (в том числе указываются запланированные командировки по проекту)

на русском языке

1. Анализ данных по структуре и динамике мозаичных гибридных зон между *Mytilus edulis* и *M. trossulus* в водах Кольского полуострова. Продолжение мониторинговых наблюдений за зонами. Обобщение заделов (см. Стр. 2 Приложения) - анализ числовых данных, построение регрессионных моделей, описывающих многолетние изменения в соотношении частот генотипов, в том числе, в отдельных генерациях. Исполнители: Католикова, Марченко, Хайтов,

Стрелков

2. Отработка методики SNP-типирования мидий северных морей по таксономически-информативным маркерам для различения всех трех видов - *Mytilus edulis*, *M. trossulus*, *M. galloprovincialis*, и гибридов между разными видами, с использованием коллекционных выборок из разных гибридных зон (см. Стр. 1 Приложения). Новая методика должна заменить применяемую сегодня громоздкую, трудоемкую, и, теоретически, не оптимальную методику (см. ниже), основанную на анализе нескольких аллозимных маркеров и (или) маркеров ПЦР. Исполнители: Юрченко, Марченко, Головин
 3. Подготовка, на основании литературных данных и имеющихся заделов, публикации с предварительным названием «Challenges with identification of *Mytilus edulis*, *M. trossulus* and their hybrids with a few molecular markers». Ежегодно, публикуется около 10 статей, в которых для различения чистопородных представителей видов мидий и межвидовых гибридов применяются генетические методы. Мы хотим проанализировать, как влияют на результаты классификации генотипов (некритический) выбор признаков для анализа и статистических методов классификации. Исполнители: Сказина, Католикова, Стрелков
 4. Подготовка, на основании имеющихся заделов, публикаций с предварительными названиями «Current distribution and historical dynamics of the invasive Pacific mussel *M. trossulus* in the western White Sea» и «Geography blurs ecological and morphological phenotypes of sympatric blue mussel species *Mytilus edulis* L. and *M. trossulus* Gould». Первая работа должна закрыть вопрос о регионах, свободных от непригодного для культивирования вида *M. trossulus* (Beaunont et al. 2008), а значит, наиболее удобных для размещения хозяйств аквакультуры мидий (*M. edulis*) в Белом море. Вторая работа, также основанная на заделах, отвечает на вопрос, насколько выявленные нами морфологические и экологические различия между видами мидий в Белом море (Katolikova et al. 2016; Khaitov et al. 2018) проявляются в других районах со-существования видов. Исполнители: Хайтов, Католикова, Марченко
 5. Отработка методики морфологического анализа *Mytilus* на примере референсных выборок *M. edulis*, *M. trossulus* и *M. galloprovincialis* и коллекционных выборок из разных гибридных зон (см. Стр. 2 Приложения). Проведение, с помощью методов классической и геометрической морфометрии, морфологического анализа, нацеленного на выявление признаков, наиболее информативных для дискриминации трех видов и межвидовых гибридов. Оценка степени морфологической идентичности мидий из северных морей референсным *M. edulis*, *M. trossulus* и *M. galloprovincialis*. Исполнители: Католикова, Марченко, Лайус, Хайтов
 6. Отработка гистологических методик диагностирования диссеминированной неоплазии (DN) и молекулярно-генетических методик диагностирования СТС у *Bivalvia* на примере дальневосточных популяций, где DN была выявлена в нашем предыдущем исследовании (Odintsova et al. 2011), и коллекционных материалов из пораженных СТС популяций Европы (см. Стр. 4 Приложения). Методы раскрыты в п. 4.А формы 4.7 проекта. Пилотное гистологическое исследование *Mytilus* spp., *Mya arenaria*, *Cerastoderma edule* и *Macoma* cf. *balthica* из Белого и Баренцева морей. Исполнители: Одинцова, Майорова, Сказина
 7. Морфологический и генетический диагноз *Clupea pallasii* и *C. harengus* и их гибридов. Морфологическое сравнение *Clupea pallasii* и *C. harengus*. Обработка референсных выборок атлантической и тихоокеанской сельдей с целью выявления 5-10 контрастно различающихся признаков костных структур (в первую очередь – меристических), необходимых для дальнейшего массового анализа сельдей Северо-Восточной Европы. Морфологический и генетический анализ новых и коллекционных выборок Ивановской сельди, нацеленный на описание их таксономической гетерогенности – наличия «чужеродных» генотипов *C. harengus* и гибридов ранних поколений между *C. pallasii* и *C. harengus*. Исполнители: Головин, Лайус
 8. Секвенирование популяционных выборок транскриптомов макомы *Macoma* cf. *balthica* (не менее 40 индивидуальных транскриптомов), идентификация генетических вариантов, проведение популяционного анализа данных с особым вниманием к признакам гибридизации и интрогрессии между *M. b. balthica* и *M. b. rubra*. Планирование дальнейшего исследования, нацеленного на описание архитектуры гибридных роев у *Macoma*. Исполнители: Юрченко, Майорова
- Запланированные командировки. Для выполнения пп. 1, 6, 7 планируются полевые работы на Белом и Баренцевом морях, 5 человек. На эти поездки в смете запланировано 100 тыс. руб. Пункт 6 (отработка гистологических и иммуноцитохимических методов определения неоплазий и СТС) будет выполняться на базе Лаборатории клеточных технологий ННЦМБ, г. Владивосток (зав. лаб. Проф. Н.А. Одинцова). Это потребует командирования в Приморье трех участников работ из Петербурга. На эти поездки в смете предусмотрено 300 тыс. руб. Наконец, мы резервируем 100 тыс. руб. на участие в научных форумах, для представления результатов работ по проекту, и посещение иностранных научных центров, для обмена опытом и пополнением коллекций, необходимых для выполнения проекта.

на английском языке

1. Analysis of the data on dynamics of *Mytilus edulis* - *M. trossulus* mosaic hybrid zones along coasts of Kola Peninsula. Summarizing the groundwork (numeric) data to define the regression model depicting the long-term changes in genotypes

occurrence, including occurrence in different generations. New sampling to continue the long-term monitoring.

2. Working out the methods of SNP-typing (ancestry-informative markers) on case of reference samples of *Mytilus edulis*, *M. trossulus* and *M. galloprovincialis* and selective samples of *Mytilus* from various hybrid zones. The final goal is to develop the set of SNP markers for distinguishing among purebreds of three species and hybrids between different species to replace the current labor-intensive and inherently flawed (see #3 below) approach based on small sets of allozyme and (or) PCR-based markers.

3. Preparing the publication «Challenges with identification of *Mytilus edulis*, *M. trossulus* and their hybrids with a few molecular markers» basing on the literature data and own unpublished data. Purebreds and hybrids from hybrid zones between blue mussel species could be distinguished by molecular markers only and many papers are published annually where small sets of markers are used for classification of genotypes into purebreds and hybrids. We would like to demonstrate how the choice of markers and methods of genotype assignment affect the inference.

4. Preparing publications with provisional titles “Current distribution and historical dynamics of the invasive Pacific mussel *M. trossulus* in the western White Sea” and «Geography blurs ecological and morphological phenotypes of sympatric blue mussel species *Mytilus edulis* L. and *M. trossulus* Gould». The first study will be based on the results of the detailed mapping of *M. edulis* and *M. trossulus* distribution in the Western White Sea, by means of morphological analysis (methods as in Katolikova et al. 2016 and Khaitov et al. 2018) of samples, collected in different years. In particular we shall define regions free from *M. trossulus* which has low aquaculture potential and could be even dangerous for aquaculture (Beaunont et al. 2008). In the second study we shall answer the question: were basic morphological and habitat differences between *Mytilus edulis* L. and *M. trossulus* in the White Sea revealed in our studies (Katolikova et al. 2016; Khaitov et al. 2018) overlooked in other contact zones between species, or have we described a locally restricted phenomenon?

5. Working out the methods of *Mytilus* morphological analysis: applying morphological analysis (classical and geometric morphometry) to reference *M. edulis*, *M. trossulus* and *M. galloprovincialis* samples and to the most polymorphic samples from the coasts of NE Europe to reveal the characters most informative for species and hybrids discrimination. Estimating morphological identity of the studied individuals to allopatric reference *M. edulis*, *M. trossulus* and *M. galloprovincialis*.

6. Learning histological methods of disseminated neoplasia (DN) diagnosis and molecular methods of CTC diagnosis in Bivalvia on the example of Far Eastern populations where DN was recorded in our previous study (Odintsova et al. 2011), and available collections of bivalves from CTC-infected European populations. Pilot investigation of DN in the White and the Barents Sea populations of *Mytilus* spp., *Mya arenaria*, *Cerastoderma edule* and *Macoma* cf. *balthica*.

7. Developing a method of *Clupea pallasii*, *C. harengus* and their hybrids identification by molecular and morphological traits. Morphological analysis of reference samples of Pacific and Atlantic herring to reveal 5-10 significantly different osteological (mostly meristic) characters for further analysis of larger samples of NE European herrings. Molecular and morphological analyses of the White Sea summer spawning herring samples in order to identify alien genotypes of *C. harengus* and hybrids between *C. pallasii* and *C. harengus*.

8. Sequencing of population samples of *Macoma* transcriptomes (at least 40 individuals), identification of genetic variants and carrying out of population genomic analysis with particular attention to signs of hybridization and introgression between the two parental species (Atlantic and Pacific). Planning of the further study, basing on the preliminary results.

Trips. Field studies.

In a frame of conducting tasks #1, 6, 7 we plan field works at the White and the Barents Sea, 5 persons, 100 000 rubles. To realize the tasks #6 we plan to learn the methods of histological and immunohistochemical analysis on the facilities of Laboratory of Cell Technologies (National Center of Marine Biology, Vladivostok, a head of laboratory – Odintsova NA) – 3 persons, 300 000 rubles. 100 000 rubles will be kept for scientific visits for experience exchange, work with collections and sampling, and participation in scientific forums.

4.11. Планируемое на первый год содержание работы каждого основного исполнителя проекта (включая руководителя проекта)

Ниже перечислены пункты плана, за выполнение которых отвечают каждый из исполнителей. Стрелков – 1, 3, 6; Лайус – 5, 7; Одинцова – 6; Юрченко – 2, 8; Сказина – 5, 6; Католикова – 1, 3, 4, 5, 6; Хайтов – 1, 4, 5; Майорова – 6, 8; Марченко – 1, 2, 4, 5; Головин – 2, 7.

4.12. Ожидаемые в конце первого года конкретные научные результаты (форма изложения должна дать возможность провести экспертизу результатов и оценить степень выполнения заявленного в проекте плана работы) на русском языке

Продолжены наблюдения за динамикой мозаичных гибридных зон между *Mytilus edulis* и *M. trossulus* в водах

Кольского полуострова. Методами регрессионного анализа проанализированы данные за 2001-2016 гг. Апробирована методика SNP-типирования мидий *Mytilus* из морей северо-восточной Европы по 10-30 таксономически информативным маркерам.

Подготовлены тексты публикаций, посвященных методам идентификации чистопородных особей и межвидовых гибридов в гибридных зонах между *Mytilus edulis* и *M. trossulus*, современному распределению и исторической динамике *M. trossulus* в Белом море, и степени морфологической и экологической пластичности *Mytilus edulis* и *M. trossulus* в разных контактных зонах.

Отработана методика морфологического анализа *Mytilus*. Выявлены признаки, наиболее информативные для дискриминации *M. edulis*, *M. trossulus* и *M. galloprovincialis*. Оценена степень морфологической идентичности мидий северных морей аллопатрическим *M. edulis*, *M. trossulus* и *M. galloprovincialis*.

На примере дальневосточных популяций *Bivalvia*, в которых отмечена диссеминированная неоплазия (DN), и коллекционных материалов из пораженных CTC популяций Европы освоены и апробированы гистологические методики диагностирования DN и молекулярно-генетические методы диагностирования CTC. Получены предварительные данные о неоплазиях у *Mytilus* spp., *Mya arenaria*, *Cerastoderma edule* and *Macoma* cf. *balthica* северных морей России.

Проведен сравнительный морфологический анализ референсных выборок *Clupea pallasii* и *C. harengus*. Выявлены наиболее информативные признаки для различения двух видов. Проанализирована таксономическая гетерогенность выборок беломорской ивановской сельди.

Секвенированы и проанализированы популяционные выборки транскриптомов *Macoma* cf. *balthica*.

на английском языке

A data on *Mytilus edulis* - *M. trossulus* Barents Sea mosaic hybrid zones dynamics through 2001-2016 will be summarized using regression analysis. New sampling to continue the long-term monitoring will be performed.

The method of SNP-typing by 10-30 ancestry-informative markers will be worked out for *Mytilus* on the example of mussels from selected populations.

Texts of publications on methods of identification of purebreds and hybrids in blue mussel *Mytilus* hybrid zones, on current distribution and historical dynamics of the invasive Pacific mussel *M. trossulus* in the Western White Sea and ecological and morphological plasticity of *Mytilus edulis* and *M. trossulus* in different hybrid zones will be prepared.

The methods of *Mytilus* morphological analysis will be worked out. The characters most informative for species discrimination will be revealed. Morphological identity of North European mussels to *M. edulis*, *M. trossulus* and *M. galloprovincialis* will be estimated.

Histological methods of disseminated neoplasia (DN) diagnostics and molecular methods of CTC diagnostics will be learned. Reference samples of Pacific and Atlantic herrings will be analyzed morphologically. Osteological diagnostic characters will be revealed. Taxonomic heterogeneity of the White Sea summer spawning herring stocks will be analyzed.

Population samples of *Macoma* transcriptomes will be sequenced and analyzed.

4.13. Перечень планируемых к приобретению за счет гранта оборудования, материалов, информационных и других ресурсов для выполнения проекта (в том числе – описывается необходимость их использования для реализации проекта)

- 1) Реактивы и расходные материалы для SNP типирования мидий из расчета 250 особей по 20 признакам. В следующие годы мы будем просить сопоставимые суммы для исследований мидий и сельди.
- 2) Расходные материалы для ПЦР лаборатории, в расчете на 5000 реакций ПЦР, на сумму 300 тыс. рублей. Согласно плану проекта (пункты 2, 5, 8) нам предстоит провести порядка 4000 результативных реакций ПЦР, отсюда планирование. В следующие годы мы будем просить сопоставимые суммы, в первую очередь для затратного исследования сельди.
- 3) Расходные материалы для выделения РНК, синтеза кДНК и пробоподготовки к секвенированию 48 транскриптомов *Macoma*, на сумму 545 тыс. рублей. Это все затраты на эти процедуры, но не все лабораторные траты на само исследование. В последующем мы должны будем компенсировать Ресурсным центрам СПбГУ затраты на эксплуатацию секвенатора. Для секвенирования 48 образцов с качеством 2,5 миллиона ридов на транскриптом нам потребуется оплатить 40% короткого запуска прибора (наборы для кластеризации и наборы для секвенирования). Это, в нынешних ценах, порядка 200 тыс. рублей. В последующие годы нам предстоит провести минимум один такой же анализ.
- 4) Расходные материалы для цитологии и гистологии, на сумму 106 тыс. рублей. Оценить целесообразность использования дорогостоящих методик, основанных на использовании маркера PCNA и проточной цитометрии (все вместе, 80 тыс. рублей), для диагностики неоплазий, является одной из целей работ по проекту в 2019 г.

5) Расходные материалы для молекулярного клонирования на сумму 27 тыс. рублей требуются для отработки методики диагностики СТС.

В будущем, мы будем планировать закупку полевого научного оборудования и, возможно, оборудования для кафедральной ПЦР-лаборатории. Пока мы нацелены на закупку расходных материалов.

4.14. Файл с дополнительной информацией 1

С графиками, фотографиями, рисунками и иной информацией о содержании проекта. Один файл в формате pdf, до 3 Мб.

Файл, скачать...

Текст в файлах с дополнительной информацией должен приводиться на русском языке. Перевод на английский язык требуется в том случае, если заявитель оценивает данную информацию существенной для эксперта.

4.15. Файл с дополнительной информацией 2 (если информации, приведенной в файле 1 окажется недостаточно)

С графиками, фотографиями, рисунками и иной информацией о содержании проекта. Один файл в формате pdf, до 3 Мб.

Подпись руководителя проекта _____ /П.П. Стрелков/

Форма 5. Запрашиваемое финансирование на 2019 год

5.1. Планируемые расходы по проекту

| № п.п. | Направления расходования гранта | Сумма расходов (тыс.руб.) |
|--------|--|---------------------------|
| | ВСЕГО | 6000 |
| | Вознаграждение членов научного коллектива (с учетом страховых взносов во внебюджетные фонды, без лиц категории «вспомогательный персонал») | 2115 |
| | Вознаграждение лиц категории «вспомогательный персонал» (с учетом страховых взносов во внебюджетные фонды) | 385 |
| 1 | Итого вознаграждение (с учетом страховых взносов во внебюджетные фонды) | 2500 |
| 2 | Оплата научно-исследовательских работ сторонних организаций (помимо владельца ОИ) на выполнение научного проекта (не более 15 процентов от суммы гранта) | 0 |
| 3 | Расходы на приобретение оборудования и иного имущества, необходимых для проведения научного исследования (включая обучение работников, монтажные, пуско-наладочные и ремонтные* работы) * Не связанные с осуществлением текущей деятельности организации. | 0 |
| 4 | Расходы на приобретение материалов и комплектующих для проведения научного исследования | 1200 |
| 5 | Иные расходы для целей выполнения проекта | 500 |
| 6 | Работы (услуги) ОИ (не более 20 процентов от суммы гранта) | 1200 |
| 7 | Накладные расходы организации (не более 10 процентов от суммы гранта) | 600 |

5.2. Расшифровка планируемых расходов

| № п.п. | Направления расходования средств гранта, расшифровка |
|--------|---|
| 1 | <p>Итого вознаграждение (с учетом страховых взносов во внебюджетные фонды)</p> <p>(указывается сумма вознаграждения (включая руководителя, основных исполнителей и иных исполнителей, привлекаемых к выполнению работ по проекту), включая установленные законодательством Российской Федерации гарантии, отчисления по страховым взносам на обязательное пенсионное страхование, на обязательное медицинское страхование, на обязательное социальное страхование на случай временной нетрудоспособности и в связи с материнством, на обязательное социальное страхование от несчастных случаев на производстве и профессиональных заболеваний)</p> <p>Всего, 2500 000 руб</p> <p>Юрченко Андрей Александрович, 76280 руб</p> <p>Майорова Мария Андреевна, 76280 руб</p> <p>Католикова Марина Викторовна, 76280 руб</p> <p>Головин Павел Валерьевич, 76280 руб</p> <p>Марченко Юлия Тиграновна, 176280 руб</p> <p>Сказина Мария Александровна, 528840</p> <p>Стелков Петр Петрович, 176280 руб</p> <p>Одинцова Нелия Адольфовна, 176280 руб</p> <p>Лайус Дмитрий Людвигович, 176280 руб</p> <p>Хайтов Вадим Михайлович, 176280 руб</p> <p>Вспомогательный персонал, 384 643 руб</p> |
| 2 | Оплата научно-исследовательских работ сторонних организаций (помимо владельца ОИ) на выполнение |

научного проекта

(приводится перечень планируемых договоров (счетов) со сторонними организациями с указанием предмета и суммы каждого договора)
не планируется

- 3 Расходы на приобретение оборудования и иного имущества, необходимых для проведения научного исследования (включая обучение работников, монтажные, пуско-наладочные и ремонтные работы)
(представляется перечень планируемых к закупке оборудования и иного имущества, необходимых для проведения научного исследования (в соответствии с п. 4.13 формы 4))
не планируется
- 4 Расходы на приобретение материалов и комплектующих для проведения научного исследования
(представляется расшифровка запланированных материалов и комплектующих (в соответствии с п. 4.13 формы 4))
1. Реактивы и расходные материалы для генотипирования методом конкурентной аллель-специфической ПЦР (KASP) с помощью ПЦР в реальном времени (Всего: 250 000 руб. Мастермикс и праймеры из расчета 20 признаков X 250 особей).
 2. Реактивы для выделения ДНК (Всего: 55 000 руб): Протеиназа К, 200 мг (10 000 руб); Цетилтриметиламмоний бромид (СТАВ), 500 г (5 000 руб); Набор для выделения ДНК (250 образцов) (40 000 руб).
 3. Реактивы для ПЦР и рестрикционного анализа (Всего: 110 000 руб): Олигонуклеотиды (50 000 руб); 2x МастерМикс (1 000 реакций) (25 000 руб); Таq ДНК полимеразы рекомбинантная (5*500 е.а) (25 000 руб); Эндонуклеазы рестрикции 10 000 руб).
 4. Реактивы для электрофореза нуклеиновых кислот (Всего: 22 400 руб): Маркер 100bp+50 мкг (7 000 руб); Агароза, 2*100 г (10 000 руб); Акриламид, 500 г (2 000 руб); Бисакриламид, 50 г (2500 руб); Аммоний персульфат, 10 г (1 400 руб); Этидий бромид, 10 мл (500 руб).
 5. Общелабораторные расходные материалы (Всего: 84 000 руб): Наконечники для дозатора 0,1-10 мкл (9 500 руб); Наконечники для дозатора 20-200 мкл (7 700 руб); Наконечники для дозатора 100-1000 мкл (8 750 руб); Наконечники для дозатора 20-300 мкл, с фильтром (3 350 руб); Планшеты 96-луночные для ПЦР (14 000 руб); Микропробирки для ПЦР 0,2 мкл (3 000 руб); Микропробирки 1,5 мкл (15 000 руб); Микропробирки 2,0 мкл (5 750 руб); Криопробирки 1,8 мкл (10 000 руб); Штатив для пробирок (4 000 руб); Маты силиконовые для планшетов (3 000 руб).
 6. Материалы для выделения РНК и синтеза кДНК (Всего: 45 095 руб): TRI Reagent, Sigma, 93289-25ML (11 095 руб); Набор для синтеза кДНК Mint-2, Евроген, SK005 (23 700 руб); Набор Cleanup Standard, Евроген, BC022 (6 400 руб); Набор Encyclo Plus PCR kit, Евроген, PK101 (3900 руб); Рестриктаза SfiI, NEB, R0123S (4 690 руб)
 7. Пробоподготовка к секвенированию транскриптомов с ферментативной реакцией (Всего: 500 000 руб.): Nextera® XT DNA Sample Preparation Kit (2*24 образцов) (485 000 руб); AMPure XP beads (5 мл) (15000 руб)
 8. Материалы для гистологической диагностики CTC (Всего: 27655 руб). Стекло предметное с обрезным краем, 500 шт. (4 005 руб.), Покровные стекла 18 x 18 mm Gold Seal™ Cover Slips # 63756-01 (Electron Microscopy Sciences) (3 упаковки) (19650 руб), Диахим-гемистейн-Р, 1 уп. (500 руб.), Поли-L-лизин, 25 мг (3 500 руб).
 9. Реактивы для молекулярного клонирования (Всего: 27 000 руб.). Набор реагентов для клонирования продуктов ПЦР CloneJET™, 40 реакций (20 000 руб.), Набор реагентов для бактериальной трансформации TransformAid™, 40 реакций (7 000 руб.)
 10. Расходные материалы для цитологии (Всего: 78 850 руб). Пробирки к проточному цитометру, 12x75 мм, 250 шт/уп, Сертифицированы на отсутствие ДНКаза, РНКаза и пирогенов (15500 руб), Проточная жидкость Sheath Fluid 10L (RT) 10 л, фильтрована через фильтр 0.22 мкм (3x2500=7500 руб), Антитела Goat anti-Mouse IgG (H+L) Cross-Adsorbed Secondary Antibody, Alexa Fluor 488, Thermo Fisher Scientific, cat. # A-11001 (15950 руб), Первичные антитела мыши (моноклональные) против proliferating cell nuclear antigen (PCNA) Sigma-Aldrich, now-Merk (39900 руб.)
- 5 Иные расходы для целей выполнения проекта
(приводятся иные затраты на цели выполнения проекта, в том числе на командировки, оплату услуг связи, транспортных услуг, расходы не расшифровываются)
Командировочные расходы, 500 000 руб

Подпись руководителя проекта _____/П.П. Стрелков/

Подпись руководителя организации (уполномоченного представителя, действующего на основании доверенности

(распорядительного документа)), **печать** (при ее наличии) **организации**.

В случае подписания формы уполномоченным представителем организации (в т.ч. – руководителем филиала) к печатному экземпляру заявки прилагается копия распорядительного документа или доверенности, заверенная печатью организации. Непредставление копии распорядительного документа или доверенности в случае подписания формы уполномоченным представителем организации, а также отсутствие расшифровки подписи, является основанием недопуска заявки к конкурсу.

_____/_____
М.П.

Форма «Объект инфраструктуры»

1.1. Наименование ОИ

на русском языке:

Научный парк СПбГУ

на английском языке:

SPbU Research park

1.2. Описание ОИ (объемом не более 2 стр.)

В Санкт-Петербургском университете создана современная научная инфраструктура, где ведущие ученые реализуют крупные междисциплинарные исследовательские проекты, направленные на решение наиболее актуальных вопросов, существующих в обществе. Ключевой составляющей этой инфраструктуры является современный Научный парк, в состав которого входят 26 ресурсных центров. На сегодняшний день ему нет равных в стране, что было подтверждено в 2017 году результатами мониторинга межведомственной рабочей группы по развитию исследовательской инфраструктуры на территории Российской Федерации. Основное оборудование Научного парка СПбГУ насчитывает 489 единиц стоимостью более 500 000 рублей каждая (общая стоимость оборудования составляет более 7 млрд. рублей) — некоторые из них представлены в России в единственном экземпляре.

Научный парк СПбГУ функционирует на основе принципа общего доступа, который подразумевает использование возможностей и оборудования ресурсных центров всеми заинтересованными лицами, вне зависимости от того, являются ли они сотрудниками, обучающимися СПбГУ или нет — при соблюдении ряда общих правил. Доступность ЦКП обеспечена и штатом из более чем 250 высококвалифицированных инженеров, и полным финансированием со стороны университета расходных материалов.

Система ресурсных центров СПбГУ формирует вектор развития Санкт-Петербургского государственного университета как уникального центра исследований и разработок, направленного на создание условий для инновационного развития, модернизации и диверсификации экономики и научной среды, повышения эффективности производства и реализации конкурентных преимуществ страны на мировой арене.

Ресурсные центры СПбГУ развиваются по следующим направлениям:

- Нанотехнологии и материаловедение

15 ресурсных центров СПбГУ: Магнитно-резонансные методы исследования - сопровождения исследований во всех естественнонаучных областях и в фундаментальных и инновационных проектах, использующих возможности спектроскопии ядерного магнитного, ядерного квадрупольного и электронного парамагнитного резонанса, а также микротомографии; Рентгенодифракционные методы исследования - научное и методическое обеспечение исследований с использованием комплекса методов исследования вещества, основанных на рентгеновской дифракции; Методы анализа состава вещества - научно-исследовательские работы в области аналитической химии и аналитической поддержки научно-исследовательских, опытно-конструкторских и промышленно – внедренческих работ проводимых в заинтересованных организациях; Оптические и лазерные методы исследования - предоставление сервисных услуг в проведении научных исследований на современном научно-техническом уровне; Физические методы исследования поверхности - научно-исследовательские работы в условиях сверхвысокого вакуума, посвященных исследованию поверхностных наноструктур и композитных материалов, анализу локальной атомной структуры морфологии, особенностей электронной энергетической и спиновой структуры; Термогравиметрические и калориметрические методы исследования - сопровождение фундаментальных и прикладных исследований, требующих проведения термического анализа и определения физико-химических свойств веществ и материалов; Наноконструирование фотоактивных материалов - разработка, создание и экспресс-тестирование фотоактивных нанокompозитных материалов и элементов для следующих областей: оптические и квантовые суперкомпьютеры; наноэлектроника и микромеханика, солнечная энергетика и фотокатализ; фотоактивные нанопокpытия и сенсоры; Инновационные технологии композитных наноматериалов - технологическое сопровождение исследовательских работ в области материаловедения; МРЦ «Нанотехнологии» - проведение научных исследований и образовательной деятельности в области: аналитической электронной и ионной микроскопии, электронно- и ионнолучевой нанолитографии, прецизионной подготовки образцов для исследований методами микроскопии; Образовательный центр по направлению физика - осуществление материально-технического и методического обеспечения реализации основных образовательных программ СПбГУ в области физики и математики; Центр микроскопии и микроанализа, Образовательный центр по направлению химия - осуществление материально-технического и методического обеспечения реализации основных образовательных программ СПбГУ в области химии; Центр прикладной аэродинамики – обеспечение решения широкого спектра научных и прикладных задач в области дозвуковой

аэродинамики; Центр исследования экстремальных состояний материалов и конструкций - проведение научно-исследовательских работ в условиях сверхвысокого вакуума, посвященных исследованию поверхностных наноструктур и композитных материалов, анализу локальной атомной структуры, морфологии, особенностей электронной энергетической и спиновой структуры; Центр Нейтронных исследований - исследование структуры и свойств материалов.

- Биомедицина и здоровье человека

6 ресурсных центров СПбГУ: Диагностика функциональных материалов для медицины, фармакологии и наноэлектроники - проведение исследований широкого спектра физических свойств полимеров, биополимеров, дисперсных систем, жидких кристаллов, наноструктурированных композитов и наноконструкций в растворах и в твердом состоянии; Развитие молекулярных и клеточных технологий - ведение исследований методами электронной и оптической микроскопии, молекулярной и клеточной биологии: протеомики, геномики, метаболомики; Культивирование микроорганизмов - поддержание живых культур эукариотических микроорганизмов, цианобактерий и мелких водных беспозвоночных; ЦКП «Хромас» - исследования в области клеточной биологии, молекулярной цитогенетики, биологии развития, микробиологии и других направлениях медико-биологических наук; Центр медицинских аккредитаций.

- Информационные системы и технологии

Направление «Информационные системы и технологии» включает 2 ресурсных центра СПбГУ: Вычислительный центр СПбГУ - среда для научных исследований, требующей использования ресурсоемкого программного обеспечения, высокопроизводительных вычислительных систем и сопровождения квалифицированными сотрудниками. и Центр Социологических и Интернет исследований - проведение социологических исследований, направленных на изучение социального взаимодействия и процессов, происходящих в Интернет-пространстве, проведение социологических исследований, направленных на изучение общественного мнения по широкому спектру вопросов, организация технического обеспечения и методическое сопровождение использования программного продукта и оборудования.

- Экология и рациональное природопользование

3 ресурсных центра СПбГУ: Обсерватория экологической безопасности - формирование интегрированной образовательной и исследовательской системы в области экологической безопасности и устойчивого развития регионов; Космические и геоинформационные технологии - методическое и техническое обеспечения образовательных и исследовательских проектов в сфере естественных и фундаментальных наук, а также, для формирования интегрированной образовательной и исследовательской системы в области дистанционного зондирования Земли (ДЗЗ) из космоса; «Геомодель» - изучение геосфер Земли и взаимосвязей между ними.

ОИ зарегистрирован на сайте <http://www.ckp-rf.ru>

да

ОИ предоставлял информацию в 2017 году в рамках ежегодного мониторинга доступности и результативности деятельности центров коллективного пользования научным оборудованием и уникальных научных установок (письмо Минобрнауки России от 16 января 2018 г. № 14-23)

да

1.3. Фактический адрес размещения ОИ

Федеральный округ: Северо-Западный Регион: г. Санкт-Петербург 199034, г. Санкт-Петербург, Университетская наб., д. 7/9

Информация о руководителе ОИ (структурного подразделения организации, за которым закреплен ОИ)

Фамилия, имя, отчество (при наличии) (полностью): Микушев Сергей Владимирович

Должность: первый заместитель проректора по научной работе

Ученое звание, ученая степень: кандидат физико-математических наук

Контактная информация

Номер телефона: +78123636258

Номер факса: +78123636258

Адрес электронной почты: s.mikushev@spbu.ru

Контактная информация о лице, ответственном за функционирование ОИ:

Директор Научного Парка Самойлов Владимир Юрьевич, тел. +7 (812) 324 12 70, e-mail: v.samoylov@spbu.ru

Адрес в информационно-телекоммуникационной сети «Интернет» официального сайта (страницы) ОИ:
<http://researchpark.spbu.ru>

1.4. Показатели ОИ

| № п.п. | Наименование показателя | Единица измерения | Значение показателя для ОИ | |
|--------|--|-------------------|----------------------------|----------|
| | | | 2016 год | 2017 год |
| 1 | Отношение фактического времени работы оборудования ОИ к максимально возможному времени работы* оборудования ОИ за год * Определяется в соответствии с локальными актами владельца ОИ. | % | 60.21 | 73.87 |
| 2 | Отношение фактического времени работы оборудования ОИ в интересах третьих лиц к фактическому времени работы оборудования ОИ за год | % | 73.93 | 40.45 |
| 3 | Количество организаций-пользователей и (или) организаций, участвующих в проведении исследований (экспериментов) с использованием ОИ, в год | шт. | 97 | 105 |
| 4 | Количество публикаций в российских и иностранных научных журналах, индексируемых в информационно-аналитических системах научного цитирования «Сеть науки» (WEB of Science Core Collection) и «Scopus», полученных с использованием ОИ, в год | шт. | 481 | 498 |

1.5. Подтверждаем, что на официальном сайте ОИ представлены:

- перечень оборудования, содержащий наименование и основные характеристики приборов;
 - перечень применяемых ОИ методик измерений;
 - перечень выполняемых типовых работ и (или) оказываемых услуг с указанием единицы измерения выполняемой работы и (или) оказываемой услуги и их стоимость в рублях или порядок определения их стоимости;
 - регламент доступа к оборудованию ОИ, предусматривающий порядок выполнения работ и оказания услуг для проведения научных исследований, а также осуществления экспериментальных разработок в интересах третьих лиц;
- условия допуска к работе на оборудовании ОИ.

ДА

Сообщаем, что на официальном сайте ОИ также представлены (указывается при наличии):

(ДА) план работы ОИ, содержащий информацию о текущей и планируемой загрузке оборудования;

(ДА) локальный акт владельца ОИ о создании ОИ;

(ДА) проект гражданско-правового договора о выполнении работ и (или) оказании услуг для проведения научных исследований, а также осуществления экспериментальных разработок.

1.6. Перечень наиболее значимых публикаций в российских и иностранных научных журналах, индексируемых в информационно-аналитических системах научного цитирования «Сеть науки» (WEB of Science Core Collection) и «Scopus», презентующих результаты, полученные с использованием ОИ, за период с 1 января 2016 года по настоящее время (не более 20) с указанием вклада ОИ в достижение научного результата, описанного в данных публикациях (незначительный, средний, определяющий)

1

1.6.1. Наименование публикации:

Receptor Mincle promotes skin allergies and is capable of recognizing cholesterol sulfate

1.6.2. Авторы

на русском языке:

Костарной А.В.; Ганчева П.Г.; Лепенис Б. и др.

на английском языке:

Kostarnoy, AV; Gancheva, PG ; Lepenies, B et al.

1.6.3. Год публикации:

2017

1.6.4. Ключевые слова:

innate immunity; sterile inflammation; allergy; Mincle; cholesterol sulfate

1.6.5. Вид публикации:

статья

1.6.6. Название издания:

PROCEEDINGS OF THE NATIONAL ACADEMY OF SCIENCES OF THE UNITED STATES OF AMERICA

1.6.7. Выходные данные публикации:

Том: 114 Выпуск: 13 Стр.: E2758-E2765 DOI: 10.1073/pnas.1611665114

1.6.8. Ссылка на адрес в сети Интернет (при наличии):

<http://www.pnas.org/content/pnas/114/13/E2758.full.pdf>

1.6.9. Вклад ОИ в достижение научного результата, описанного в данной публикации:

определяющий

2

1.6.1. Наименование публикации:

Xenon in Rigid Oxide Frameworks: Structure, Bonding and Explosive Properties of Layered Perovskite K₄Xe₃O₁₂

1.6.2. Авторы

на русском языке:

С.Н Бритвин, С.А. Каштанов, С.В. Кривовичев, Н.В. Чуканов

на английском языке:

S.N. Britvin, S.A. Kashtanov, S.V. Krivovichev, N.V. Chukanov

1.6.3. Год публикации:

2016

1.6.4. Ключевые слова:

ELECTRON-ENERGY DENSITY; NOBLE-GAS COMPOUNDS; MOLECULAR-STRUCTURE; CRYSTAL-STRUCTURES; CHARGE-DENSITY; MULTI-NMR; CHEMISTRY; XE-129; PI; ENCAPSULATION

1.6.5. Вид публикации:

статья

1.6.6. Название издания:

JOURNAL OF THE AMERICAN CHEMICAL SOCIETY

1.6.7. Выходные данные публикации:

JACS, 2016, V. 138 (42), pp 13838–13841; DOI: 10.1021/jacs.6b09056.

1.6.8. Ссылка на адрес в сети Интернет (при наличии):

<https://proxy.library.spbu.ru:2301/doi/10.1021/jacs.6b09056>

1.6.9. Вклад ОИ в достижение научного результата, описанного в данной публикации:

определяющий

3

1.6.1. Наименование публикации:

Difference in Energy between Two Distinct Types of Chalcogen Bonds Drives Regioisomerization of Binuclear (Diaminocarbene)PdII Complexes

1.6.2. Авторы

на русском языке:

Александр С. Михердов, Михаил А. Кинжалов, Александр С. Новиков, Вадим П. Боярский, Ирина А. Боярская, Дмитрий В. Дарьин, Галина Л. Старова, и Вадим Ю. Кукушкин

на английском языке:

Alexander S. Mikherdov, Mikhail A. Kinzhalov, Alexander S. Novikov, Vadim P. Boyarskiy, Irina A. Boyarskaya, Dmitry V. Dar'in, Galina L. Starova, and Vadim Yu. Kukushkin

1.6.3. Год публикации:

2016

1.6.4. Ключевые слова:

CENTER-DOT-S; BIS(ACYCLIC DIAMINOCARBENE) COMPLEX; THEORETICAL INVESTIGATIONS; CRYSTAL-STRUCTURES; NONBONDED INTERACTIONS; MOLECULAR-STRUCTURE; X-RAY; SUPRAMOLECULAR ASSOCIATION; EFFICIENT CATALYSTS; TRANSITION-ELEMENTS

1.6.5. Вид публикации:

статья

1.6.6. Название издания:

JOURNAL OF THE AMERICAN CHEMICAL SOCIETY

1.6.7. Выходные данные публикации:

JACS, 2016, V. 138 (42), pp. 14129–14137; DOI: 10.1021/jacs.6b09133.

1.6.8. Ссылка на адрес в сети Интернет (при наличии):

<https://proxy.library.spbu.ru:2301/doi/10.1021/jacs.6b09133>

1.6.9. Вклад ОИ в достижение научного результата, описанного в данной публикации:

определяющий

4

1.6.1. Наименование публикации:

Catching hidden variation: systematic correction of reference minor allele annotation in clinical variant calling

1.6.2. Авторы

на русском языке:

Барбитов ЮА, Бездворных ИВ, Полев ДЕ, Серебрякова ЕА, Глотов АС, Глотов ОС, Предеус АВ

на английском языке:

Barbitoff YA, Bezdvornykh IV, Polev DE, Serebryakova EA, Glotov AS, Glotov OS, Predeus AV

1.6.3. Год публикации:

2018

1.6.4. Ключевые слова:

allele frequency; next-generation sequencing; reference; minor allele; whole-exome sequencing, биоинформатика, генетика человека

1.6.5. Вид публикации:

статья

1.6.6. Название издания:

GENETICS IN MEDICINE

1.6.7. Выходные данные публикации:

Genet Med. 2018 Mar;20(3):360-364 DOI: 10.1038/gim.2017.168

1.6.8. Ссылка на адрес в сети Интернет (при наличии):

<http://proxy.library.spbu.ru:2332/articles/gim2017168>

1.6.9. Вклад ОИ в достижение научного результата, описанного в данной публикации:

определяющий

5

1.6.1. Наименование публикации:

Nature of the Copper-Oxide-Mediated C-S Cross-Coupling Reaction: Leaching of Catalytically Active Species from the Metal Oxide Surface

1.6.2. Авторы

на русском языке:

Юлия С. Панова, Алексей С. Кашин, Максим С. Воробьев, Евгения С. Дегтярева и Валентин П. Анаников

на английском языке:

Yulia S. Panova, Alexey S. Kashin, Maxim G. Vorobev, Evgeniya S. Degtyareva, and Valentine P. Ananikov

1.6.3. Год публикации:

2016

1.6.4. Ключевые слова:

C-S cross-coupling; copper oxide; nanoparticles; catalysis; leaching; mechanism

1.6.5. Вид публикации:

статья

1.6.6. Название издания:

ACS CATALYSIS

1.6.7. Выходные данные публикации:

ACS Catalysis 6(6) (2016) 3637-3643

1.6.8. Ссылка на адрес в сети Интернет (при наличии):

<https://proxy.library.spbu.ru:2301/doi/abs/10.1021/acscatal.6b00337>

1.6.9. Вклад ОИ в достижение научного результата, описанного в данной публикации:
определяющий

6

1.6.1. Наименование публикации:

Polylysine-grafted Au144 nanoclusters: birth and growth of a healthy surface-plasmon-resonance-like band

1.6.2. Авторы

на русском языке:

Гурьянов, И., Поло, Ф., Убыйвовк Е.В., Коржикова-Влах, Е., Тенникова, Т., Рад, А.Т., Них, М.-П., Маран, Ф.

на английском языке:

Guryanov, I., Polo, F., Ubyyovk, E.V., Korzhikova-Vlakh, E., Tennikova, T., Rad, A.T., Nieh, M.-P., Maran, F.

1.6.3. Год публикации:

2017

1.6.4. Ключевые слова:

FUNCTIONALIZED GOLD NANOPARTICLES; X-RAY-SCATTERING; DRUG-DELIVERY; RADICAL POLYMERIZATIONS; BIOMEDICAL APPLICATIONS; METAL NANOPARTICLES; ELECTRON-MICROSCOPY; ENHANCED STABILITY; OPTICAL-PROPERTIES; RECENT PROGRESS

1.6.5. Вид публикации:

статья

1.6.6. Название издания:

CHEMICAL SCIENCE

1.6.7. Выходные данные публикации:

Chemical Science, 8 (4), pp. 3228-3238

1.6.8. Ссылка на адрес в сети Интернет (при наличии):

<http://pubs.rsc.org/en/content/articlepdf/2017/sc/c6sc05187a>

1.6.9. Вклад ОИ в достижение научного результата, описанного в данной публикации:

определяющий

7

1.6.1. Наименование публикации:

Efficient Second-Harmonic Generation in Nanocrystalline Silicon Nanoparticles

1.6.2. Авторы

на русском языке:

Макаров, С.В., Петров, М.И., Живиц, У., Миличко, В., Зуев, Д., Лопаницына, Н., Куксин, А., Мухин, И., Зограф, Г., Убыйвовк, Е., Смирнова, Д.А., Стариков, С., Чичков, Б.Н., Кившар, Ю.С.

на английском языке:

Makarov, S.V., Petrov, M.I., Zywiets, U., Milichko, V., Zuev, D., Lopanitsyna, N., Kuksin, A., Mukhin, I., Zograf, G., Ubyyovk, E., Smirnova, D.A., Starikov, S., Chichkov, B.N., Kivshar, Y.S.

1.6.3. Год публикации:

2017

1.6.4. Ключевые слова:

Nonlinear nanophotonics; second-harmonic generation; crystallization kinetics; silicon nanoparticles; dielectric nanoantennas; Mie scattering; magnetic dipole resonance

1.6.5. Вид публикации:

статья

1.6.6. Название издания:

NANO LETTERS

1.6.7. Выходные данные публикации:

Nano Letters, 17 (5), pp. 3047-3053

1.6.8. Ссылка на адрес в сети Интернет (при наличии):

<https://pubs.acs.org/doi/abs/10.1021/acs.nanolett.7b00392>

1.6.9. Вклад ОИ в достижение научного результата, описанного в данной публикации:

определяющий

8

1.6.1. Наименование публикации:

Large-Scale Sublattice Asymmetry in Pure and Boron-Doped Graphene

1.6.2. Авторы

на русском языке:

Д.Ю. Ушаков, А.В. Федоров, О.Ю. Вилков, А.Е. Петухов, А.Г. Рыбкин, А. Эрнст, М.М. Отроков, Е. В. Чулков и др.

на английском языке:

D. Yu. Usachov, A. V. Fedorov, O. Yu. Vilkov, A. E. Petukhov, A. G. Rybkin, A. Ernst, M. M. Otrokov, E. V. Chulkov et al.

1.6.3. Год публикации:

2016

1.6.4. Ключевые слова:

Graphene; boron; doping; sublattice asymmetry; electronic structure; photoemission spectroscopy

1.6.5. Вид публикации:

статья

1.6.6. Название издания:

NANO LETTERS

1.6.7. Выходные данные публикации:

Nano Lett. 104 (2016) Том: 16 Выпуск: 7 Стр.: 4535-4543

1.6.8. Ссылка на адрес в сети Интернет (при наличии):

<https://pubs.acs.org/doi/abs/10.1021/acs.nanolett.6b01795>

1.6.9. Вклад ОИ в достижение научного результата, описанного в данной публикации:

определяющий

9

1.6.1. Наименование публикации:

Magneto-spin-orbit graphene: interplay between exchange and spin-orbit couplings

1.6.2. Авторы

на русском языке:

Артем Г. Рыбкин, Анна А. Рыбкина, Михаил М. Отроков, Олег Ю. Вилков, Илья И. Климовских, Анатолий Е. Петухов, Мария В. Филянина, Владимир Ю. Ворошнин, Игорь П. Русинов, Артур Эрнст, Андрэ Арнау, Евгений В. Чулков и Александр М. Шикин

на английском языке:

Artem G. Rybkin, Anna A. Rybkina, Mikhail M. Otrokov, Oleg Yu. Vilkov, Ilya I. Klimovskikh, Anatoly E. Petukhov, Maria V. Filianina, Vladimir Yu. Voroshnin, Igor P. Rusinov, Arthur Ernst, Andrés Arnau, Evgueni V. Chulkov, and Alexander M. Shikin

1.6.3. Год публикации:

2018

1.6.4. Ключевые слова:

Graphene; spin-orbit and exchange coupling; electronic structure; angle- and spin-resolved photoemission spectroscopy; scanning tunneling microscopy; ab initio calculations

1.6.5. Вид публикации:

статья

1.6.6. Название издания:

NANO LETTERS

1.6.7. Выходные данные публикации:

Nano Lett., 18 (3), pp 1564–1574

1.6.8. Ссылка на адрес в сети Интернет (при наличии):

<https://pubs.acs.org/doi/abs/10.1021/acs.nanolett.7b01548>

1.6.9. Вклад ОИ в достижение научного результата, описанного в данной публикации:

определяющий

10

1.6.1. Наименование публикации:

Low Inhomogeneous Broadening of Excitonic Resonance in MAPbBr₃ Single Crystals

1.6.2. Авторы

на русском языке:

О.А. Ложкина, В.И. Юдин, А.А. Мурашкина, В.В. Шиловских, В.Г. Давыдов, Р. Кеворкянц, А.В. Емелин, Ю.В. Капитонов, и Д.В. Банеманн

на английском языке:

O.A. Lozhkina, V.I. Yudin, A.A. Murashkina, V.V. Shilovskikh, V.G. Davydov, R. Kevorkyants, A.V. Emeline, Yu.V.

Kapitonov, and D.W. Bahnemann

1.6.3. Год публикации:

2018

1.6.4. Ключевые слова:

LEAD HALIDE PEROVSKITES; BINDING-ENERGY; TEMPERATURE-DEPENDENCE; QUANTUM-WELLS;
PHOTOLUMINESCENCE; METHYLAMMONIUM; SEMICONDUCTORS; FILMS; CH₃NH₃PBBR₃; DYNAMICS

1.6.5. Вид публикации:

статья

1.6.6. Название издания:

JOURNAL OF PHYSICAL CHEMISTRY LETTERS

1.6.7. Выходные данные публикации:

J.Phys.Chem.Lett., 9, pp 302–305

1.6.8. Ссылка на адрес в сети Интернет (при наличии):

<https://pubs.acs.org/doi/abs/10.1021/acs.jpclett.7b02979>

1.6.9. Вклад ОИ в достижение научного результата, описанного в данной публикации:

определяющий

11

1.6.1. Наименование публикации:

Assessment of postfire soils degradation dynamics: Stability and molecular composition of humic acids with use of spectroscopy methods

1.6.2. Авторы

на русском языке:

Е. Абакумов, Е. Максимова, А. Цибарт

на английском языке:

E. Abakumov, E. Maksimova, A. Tsibart

1.6.3. Год публикации:

2017

1.6.4. Ключевые слова:

¹³-C NMR spectroscopy; electron spin resonance; humic acids (HA); postfire soils; wildfires

1.6.5. Вид публикации:

статья

1.6.6. Название издания:

LAND DEGRADATION & DEVELOPMENT

1.6.7. Выходные данные публикации:

Land Degradation and Development, 2017, 1-10

1.6.8. Ссылка на адрес в сети Интернет (при наличии):

<https://proxy.library.spbu.ru:2413/doi/abs/10.1002/ldr.2872>

1.6.9. Вклад ОИ в достижение научного результата, описанного в данной публикации:

определяющий

12

1.6.1. Наименование публикации:

A solid acetylene reagent with enhanced reactivity: fluoride-mediated functionalization of alcohols and phenols

1.6.2. Авторы

на русском языке:

Г. Вернер, К.С. Родыгин, А.А. Костин, Е.Г.Гордеев, А.С. Кашин, В.П. Анаников

на английском языке:

G. Werner, K.S. Rodygin, A.A. Kostin, E.G. Gordeev, A.S. Kashin, V.P. Ananikov

1.6.3. Год публикации:

2017

1.6.4. Ключевые слова:

SUPERBASIC CATALYTIC-SYSTEMS; LATE-STAGE DIVERSIFICATION; AB-INITIO CALCULATIONS; CALCIUM CARBIDE;
CATIONIC-POLYMERIZATION; NUCLEOPHILIC-ADDITION; CANCER THERANOSTICS; ORGANIC-SYNTHESIS; INFRARED-SPECTRA;

1.6.5. Вид публикации:

статья

1.6.6. Название издания:

GREEN CHEMISTRY

1.6.7. Выходные данные публикации:

Green Chemistry, 2017,19, 3032-3041

1.6.8. Ссылка на адрес в сети Интернет (при наличии):

<http://proxy.library.spbu.ru:2722/en/Content/ArticleLanding/2017/GC/C7GC00724H#IdivAbstract>

1.6.9. Вклад ОИ в достижение научного результата, описанного в данной публикации:

определяющий

13

1.6.1. Наименование публикации:

Avian W and mammalian Y chromosomes convergently retained dosage-sensitive regulators

1.6.2. Авторы

на русском языке:

Беллотт ДВ, Скалецкий Х, Чо ТЖ, Браун Л., Локе Д., Чен Н., Галкина С., Пынтикова Т., Кацева Н., Гравес Т., Кремицки К., Варрен ВК, Кларк АГ, Гагинская Е., Вильсон РК, Пейж ДК

на английском языке:

Bellott DW, Skaletsky H, Cho TJ, Brown L, Locke D, Chen N, Galkina S, Pyntikova T, Koutseva N, Graves T, Kremitzki C, Warren WC, Clark AG, Gaginskaya E, Wilson RK, Page DC

1.6.3. Год публикации:

2017

1.6.4. Ключевые слова:

НОМОМОРФИЧЕСКИЕ ПОЛ-ХРОМОСОМЫ; ЧЕЛОВЕЧЕСКАЯ Х-ХРОМОСОМА; КУРИЦА; ПОЧИЩАЮЩАЯ СЕЛЕКЦИЯ; ЭВОЛЮЦИОННЫЕ СТРАТА; ГЕНЕТИЧЕСКОЕ ПОЛУЧЕНИЕ; ВЫРАЖЕНИЕ; ЭМБРИОНЫ; АБНОРМАЛЬНОСТИ; ДЕГЕНЕРАЦИЯ

1.6.5. Вид публикации:

статья

1.6.6. Название издания:

NATURE GENETICS

1.6.7. Выходные данные публикации:

NATURE GENETICS Том: 49 Выпуск: 3 Стр.: 387-394

1.6.8. Ссылка на адрес в сети Интернет (при наличии):

<https://proxy.library.spbu.ru:3755/articles/ng.3778>

1.6.9. Вклад ОИ в достижение научного результата, описанного в данной публикации:

средний

14

1.6.1. Наименование публикации:

Karyosystematics and molecular taxonomy of the anomalous blue butterflies (Lepidoptera, Lycaenidae) from the Balkan Peninsula

1.6.2. Авторы

на русском языке:

Мария С. Вишневская, Алсу Ф. Сайфитдинова, Владимир А.Лухтанов

на английском языке:

Maria S. Vishnevskaya, Alsu F. Saifitdinova, Vladimir A. Lukhtanov

1.6.3. Год публикации:

2016

1.6.4. Ключевые слова:

Agrodiaetus; biodiversity; chromosome; COI; conservation; cryptic species; DNA barcode; ITS2; karyotype; mitochondrial marker; Polyommatus timfristos sp n.; protected species; red list

1.6.5. Вид публикации:

статья

1.6.6. Название издания:

COMPARATIVE CYTOGENETICS

1.6.7. Выходные данные публикации:

COMPARATIVE CYTOGENETICS Том: 10 Выпуск: 5 Стр.: 1-85

1.6.8. Ссылка на адрес в сети Интернет (при наличии):

<https://proxy.library.spbu.ru:2443/pmc/articles/PMC5220643/>

1.6.9. Вклад ОИ в достижение научного результата, описанного в данной публикации:

определяющий

15

1.6.1. Наименование публикации:

Cellulose synthesis and cell expansion are regulated by different mechanisms in growing Arabidopsis hypocotyls

1.6.2. Авторы

на русском языке:

А.А. Иваков, А. Флис А., Ф. Апелт, М. Фойнфельд, У. Шерер, М. Ститт, Ф. Краглер, К. Виссенберг, С. Перссон, Д.

Суслов

на английском языке:

A.A. Ivakov, A. Flis A., F. Apelt, M. Fuenfgeld, U. Scherer, M. Stitt, F. Kragler, K. Vissenberg, S. Persson, D. Suslov

1.6.3. Год публикации:

2017

1.6.4. Ключевые слова:

MEMBRANE H⁺-ATPASE; PLASMA-MEMBRANE; CIRCADIAN CLOCK; PLANT-GROWTH; LEAF GROWTH; ONION EPIDERMIS; STARCH TURNOVER; WATER STATUS; LIGHT; THALIANA

1.6.5. Вид публикации:

статья

1.6.6. Название издания:

PLANT CELL

1.6.7. Выходные данные публикации:

PLANT CELL Том: 29 Выпуск: 6 Стр.: 1305-1315

1.6.8. Ссылка на адрес в сети Интернет (при наличии):

<http://www.plantcell.org/content/29/6/1305>

1.6.9. Вклад ОИ в достижение научного результата, описанного в данной публикации:

определяющий

16

1.6.1. Наименование публикации:

A Defective mRNA Cleavage and Polyadenylation Complex Facilitates Expansions of Transcribed (GAA)_n Repeats Associated with Friedreich's Ataxia

1.6.2. Авторы

на русском языке:

Райн Я. Макгинти, Франко Пулео, Анна Ю. Аксенова, Юлия А. Хисей, Александр А. Шишкин, Эрика Л. Пирсон, Эрик Т. Ванг, Давид Е. Хаусман, Клай Мур, и Сергей М. Миркин

на английском языке:

Ryan J. McGinty, Franco Puleo, Anna Y. Aksenova, Julia A. Hisey, Alexander A. Shishkin, Erika L. Pearson, Eric T. Wang, David E. Housman, Claire Moore, and Sergei M. Mirkin

1.6.3. Год публикации:

2017

1.6.4. Ключевые слова:

MEDIATED GENOME INSTABILITY; MYOTONIC-DYSTROPHY TYPE-1; DNA-REPLICATION; MISMATCH REPAIR; CTG REPEAT; POLYMERASE BACKTRACKING; PROCESSING ENDONUCLEASE; TRINUCLEOTIDE EXPANSION; SOMATIC INSTABILITY; SPECIFICITY FACTOR

1.6.5. Вид публикации:

статья

1.6.6. Название издания:

CELL REPORTS

1.6.7. Выходные данные публикации:

CELL REPORTS Том: 20 Выпуск: 10 Стр.: 2490-2500

1.6.8. Ссылка на адрес в сети Интернет (при наличии):

1.6.9. Вклад ОИ в достижение научного результата, описанного в данной публикации:

средний

17

1.6.1. Наименование публикации:

Solvent- and halide-free synthesis of pyridine-2-yl substituted ureas through facile C-H functionalization of pyridine N-oxides

1.6.2. Авторы

на русском языке:

Валентин А. Рассадин, Дмитрий Р. Зимин, Гульнара З. Раскильдина, Александр Ю. Иванов, Вадим П. Боярский, Семен С. Злоцкий, Вадим Ю. Кукушкин

на английском языке:

Valentin A. Rassadin, Dmitry P. Zimin, Gulnara Z. Raskil'dina, Alexander Yu. Ivanov, Vadim P. Boyarskiy, Semen S. Zlotskiib, Vadim Yu. Kukushkin

1.6.3. Год публикации:

2016

1.6.4. Ключевые слова:

O TAPE SYNTHON; S,S-DIMETHYL DITHIOCARBONATE; REDUCTIVE CARBONYLATION; TETRASUBSTITUTED UREAS; PLASMODIUM-FALCIPARUM; UNSYMMETRICAL UREAS; CATALYZED AMIDATION; ORGANIC-SYNTHESIS; METAL-COMPLEXES; ARYL CHLORIDES

1.6.5. Вид публикации:

статья

1.6.6. Название издания:

GREEN CHEMISTRY

1.6.7. Выходные данные публикации:

GREEN CHEMISTRY Том: 18 Выпуск: 24 Стр.: 6630-6636

1.6.8. Ссылка на адрес в сети Интернет (при наличии):

<http://proxy.library.spbu.ru:2722/en/content/articlehtml/2016/gc/c6gc02556k>

1.6.9. Вклад ОИ в достижение научного результата, описанного в данной публикации:

определяющий

18

1.6.1. Наименование публикации:

Low Inhomogeneous Broadening of Excitonic Resonance in MAPbBr₃ Single Crystals

1.6.2. Авторы

на русском языке:

Ольга А. Ложкина, Вячеслав И. Юдин, Анна А. Мурашкина, Владимир В. Шиловских, Валентин Г. Давыдов, Руслан Кеворкянц, Алексей В. Емелин, Юрий В. Капитонов, Детлеф В. Банеманн

на английском языке:

Olga A. Lozhkina, Vyacheslav I. Yudin, Anna A. Murashkina, Vladimir V. Shilovskikh, Valentin G. Davydov, Ruslan Kevorkyants, Alexei V. Emeline, Yury V. Kapitonov, Detlef W. Bahnemann

1.6.3. Год публикации:

2018

1.6.4. Ключевые слова:

LEAD HALIDE PEROVSKITES; BINDING-ENERGY; TEMPERATURE-DEPENDENCE; QUANTUM-WELLS; PHOTOLUMINESCENCE; METHYLAMMONIUM; SEMICONDUCTORS; FILMS; CH₃NH₃PBBR₃; DYNAMICS

1.6.5. Вид публикации:

статья

1.6.6. Название издания:

JOURNAL OF PHYSICAL CHEMISTRY LETTERS

1.6.7. Выходные данные публикации:

Journal of Physical Chemistry Letters 9 (2018) 302-305

1.6.8. Ссылка на адрес в сети Интернет (при наличии):

<https://pubs.acs.org/doi/abs/10.1021/acs.jpcllett.7b02979>

1.6.9. Вклад ОИ в достижение научного результата, описанного в данной публикации:

Заявка № 19-74-20024 Страница 64 из 69

1.6.1. Наименование публикации:

Polymorphism of metallic sodium under nanoconfinement

1.6.2. Авторы*на русском языке:*

А.В. Усков, Д.Ю. Нефедов, Е.В. Чарная, Я. Хаазе, Д. Мичел, Ю.А. Камзеров, А.В. Фокин, А.С. Бугаев

на английском языке:

A. V. Uskov, D. Yu. Nefedov, E. V. Charnaya, J. Haase, D. Michel, Yu. A. Kumzerov, A. V. Fokin, A. S. Bugaev.

1.6.3. Год публикации:

2016

1.6.4. Ключевые слова:

Sodium nanoparticles; nanoconfinement; porous glass; Knight shift; polymorphism

1.6.5. Вид публикации:

статья

1.6.6. Название издания:

NANO LETTERS

1.6.7. Выходные данные публикации:

NanoLetters 2016, 16, 1, 791-794

1.6.8. Ссылка на адрес в сети Интернет (при наличии):<https://pubs.acs.org/doi/abs/10.1021/acs.nanolett.5b04841>**1.6.9. Вклад ОИ в достижение научного результата, описанного в данной публикации:**

определяющий

1.6.1. Наименование публикации:

Nature of the copper-oxide-mediated C-S cross-coupling reaction: Leaching of catalytically active species from the metal oxide surface

1.6.2. Авторы*на русском языке:*

Панова, Ю.С., Кашин, А.С., Воробьев, М.Г., Дегтярева, Е.С., Анаников, В.П.

на английском языке:

Panova, Y.S., Kashin, A.S., Vorobev, M.G., Degtyareva, E.S., Ananikov, V.P.

1.6.3. Год публикации:

2016

1.6.4. Ключевые слова:

C-S cross-coupling; copper oxide; nanoparticles; catalysis; leaching; mechanism

1.6.5. Вид публикации:

статья

1.6.6. Название издания:

ACS CATALYSIS

1.6.7. Выходные данные публикации:

ACS Catalysis, 6 (6), pp. 3637-3643

1.6.8. Ссылка на адрес в сети Интернет (при наличии):<https://tacpdf.com/nature-of-the-copper-oxide-mediated-c-s-cross-coupling-react.html>**1.6.9. Вклад ОИ в достижение научного результата, описанного в данной публикации:**

определяющий

Количество публикаций в перечне: 20

1.7. ** Файл с программой (планом) научных исследований ОИ (при наличии)

С графиками, фотографиями, рисунками и иной информацией о содержании проекта. В формате pdf, до 3 Мб.

Файл, скачать...

Перечень основных направлений научных исследований, выполняемых на ОИ (при наличии, объемом не более 2 стр.)

Ресурсные центры СПбГУ развиваются по следующим направлениям:

- Нанотехнологии и материаловедение

15 ресурсных центров СПбГУ: Магнитно-резонансные методы исследования, Рентгенодифракционные методы исследования, Методы анализа состава вещества, Оптические и лазерные методы исследования, Физические методы исследования поверхности, Термогравиметрические и калориметрические методы исследования, Наноконструирование фотоактивных материалов, Инновационные технологии композитных наноматериалов, МРЦ «Нанотехнологии», Образовательный центр по направлению физика, Центр микроскопии и микроанализа, Образовательный центр по направлению химия, Центр прикладной аэродинамики, Центр исследования экстремальных состояний материалов и конструкций, Центр Нейтронных исследований.

- Биомедицина и здоровье человека

6 ресурсных центров СПбГУ: Диагностика функциональных материалов для медицины, фармакологии и наноэлектроники, Развитие молекулярных и клеточных технологий, Культивирование микроорганизмов, ЦКП «Хромас», Центр Биобанк, Центр медицинских аккредитаций.

- Информационные системы и технологии

Направление «Информационные системы и технологии» включает 2 ресурсных центра СПбГУ: Вычислительный центр СПбГУ и Центр Социологических и Интернет исследований.

- Экология и рациональное природопользование

3 ресурсных центра СПбГУ: Обсерватория экологической безопасности, Космические и геоинформационные технологии, «Гео модель».

Перечень конкретных научно-технических задач, решаемых на ОИ (при наличии, объемом не более 2 стр.)

Рентгенодифракционными методами исследования с использованием комплекса методов, основанных на рентгеновской дифракции и рентгеновской топографии исследуются объекты из различных областей материаловедения, физики и химии твердого тела, из областей связанных с разработкой новых материалов, исследованиями наносистем и наноматериалов, а также синтезом биологически активных веществ и современных лекарственных препаратов. По данным монокристалльной рентгенографии для новых веществ и молекул существует возможность определения линейных и угловых параметров элементарной ячейки, симметрии и пространственных групп кристаллических веществ, координат атомов в элементарной ячейке и параметры их тепловых колебаний, межатомных расстояний и угловых характеристик для различных химических связей. Методом порошковой дифрактометрии проводится идентификация различных кристаллических фаз и определение их относительных концентраций в смесях, а также уточняются параметры элементарной ячейки известного вещества с целью обнаружения и определения концентраций изоморфных примесей. Методом терморентгенографии получается информация о температурах фазовых переходов, о разнообразных превращениях: «твердое тело – твердое тело» (полиморфные переходы, распад и образование химических соединений и твердых растворов, аморфизация), «твердое тело – жидкость» (конгруэнтное, эвтектическое и перитектическое плавление, плавление твердых растворов, кристаллизация из расплава), «твердое тело – газ» (гидратация, дегидратация). На уникальном комплексе оборудования с высоким угловым разрешением (HRXRD) выполняются исследования поверхностей и интерфейсов эпитаксиальных моно- и поликристаллических, а также аморфных слоев и гетероструктур. Определяются толщина слоев на гетероструктурах и шероховатости границ раздела и поверхностей, уточняется ориентировка монокристаллов, находятся величины рассогласования параметров элементарных ячеек гетерослоя и подложки, состав твердых растворов, степень кристалличности, плотности дислокаций, выполняется прецизионное определение параметров элементарной ячейки, неразрушающий контроль массивных промышленных монокристаллов для электроники и оптики, определение текстурных характеристик и остаточных напряжений в металлических и керамических образцах, а также микроструктурный анализ – определение параметров мозаичной структуры и микронапряжений как в массивных образцах, так и в ультрадисперсных наночастицах. В области магнитного резонанса сложность выполняемых работ варьируется от самых простых, т.н. рутинных, до наиболее сложных, требующих длительной программы исследований и комбинирования нескольких

методик: 1) Спектроскопия ЯМР. Регистрируются спектры на ядрах ^1H , ^{19}F и в диапазоне от ^{31}P до ^{109}Ag , в т. ч. при низких температурах вплоть до 110 K (спектроскопия растворов в сжиженных газах является уникальной разработкой). Доступны все основные современные методики (COSY, NOESY, ROESY, DEPT, JRES, HMQC, HSQC, COLOC, HMBC, TOCSY и др.), включая гибридные, такие как, например, waterLOGSY, HSQC- NOESY или sel-HSQMBC-TOCSY-IPAP, а также спектры ЯМР в твердом теле (MAS, CPMAS, MQMAS, DCP, RFDF, DQSQ и др.), используются градиентные методики (PGSE, DOSY, DDCOSY), динамический ЯМР. Решаются задачи определения химического состава и строения органических и металлоорганических соединений, детали строения линейных и разветвленных полимеров, микроструктура пленок, стекол, цементов, качественный состав почв. Ведется работа по изучению нековалентных взаимодействий (водородные, галогенные, халькогенные и др. связи). 2) Магнитно-резонансная томография. Ведется исследование визуализации опухолей головного мозга мышей и крыс с помощью контрастирующих веществ на основе наночастиц магнетита. Изучается возможность использования суперпарамагнитных наночастиц оксида железа (SPION), внедренных в пористые микросферы целлюлозы, в качестве контрастирующего агента. 3) Спектроскопия ЭПР. Регистрация спектров ЭПР проводится в стандартном (CW) и импульсном (FT) режимах в области X-band, в том числе по методикам ENDOR (двойной электронно-ядерный резонанс), и TRIPLE для исследования прямых и косвенных обменных взаимодействий. Доступен широкий температурный диапазон (от 77 K до 500K) и облучение образца в диапазоне 200-2000 нм. Возможны абсолютные измерения частоты, магнитного поля, СВЧ-поля, количества ПЦ в пробе. Исследуются образцы в жидком и в твердом агрегатных состояниях. Исследуются парамагнитные свойства электрон-избыточных элементоорганических соединений, различные коллоидные нанокристаллы, легированные парамагнитными ионами и другие соединения.

Методами спектроскопии поглощения, КРС-спектроскопии, ИК Фурье спектроскопии, лазерной гранулометрии, спектроскопии люминесценции (в том числе и с временным разрешением), а также методами лазерной спектроскопии (в том числе pump-probe) выполняется широкий круг исследований с целью определения состава, оптических и физико-химических свойств веществ и материалов, исследования физических и химических явлений. Примеры выполненных/выполняемых исследований: 1) методами ИК спектроскопии выполняются определение структуры ДНК и белков в различных растворителях и при различных pH, изучение ИК-спектров буферов в порошках и таблетках, исследования полимеров, органических соединений, 2) методами КРС- спектроскопии - измерение спектров резонансного комбинационного рассеяния (РКР) света квантовой ямой CdTe содержащей примесные ионы рения, регистрация спектров КР DMS в растворах золотого золь до и после УФ облучения и пр., 3) методами спектроскопии поглощения исследованы наночастицы в широком спектре растворителей и добавок, в жидком виде, в осажденном на покровные стекла, порошки прессованные в таблетки с буферными компонентами, жидкие и твердые белковые образцы, растворы химических соединений, 4) методами люминесцентной спектроскопии исследуются жидкие, порошкообразные вещества, определяются времена жизни возбужденного состояния, изучаются спектры эмиссии и возбуждения люминесценции, а также квантовый выход, 5) исследуются вещества с помощью фемтосекундной спектроскопии методами накачки-зондирования, лазерной фотохимии и биохимии быстропротекающих процессов, нелинейно-оптическими методами в конденсированных средах и на поверхностях, выполняются работы по синтезу и структурированию новых материалов, генерации суперконтинуума в фотоннокристаллических материалах и применении его в метрологии и спектроскопии.

Диагностика функциональных материалов для медицины, фармакологии и наноэлектроники» предлагает пользователям проведение исследований широкого спектра физических свойств полимеров, биополимеров, дисперсных систем, жидких кристаллов, наноструктурированных композитов и наноконструктов в растворах и в твердом состоянии. К основным задачам следует отнести выполнение всесторонних научных исследований гидродинамических, реологических, оптических, электрических, магнитных, динамических и структурных характеристик материалов синтетического и биологического происхождения. Имеющееся в наличии оснащение позволяет решать задачи в областях анализа химической структуры, определение размеров молекул и частиц дисперсной фазы, молекулярно-массовых характеристик полимеров и биополимеров, изучение оптической активности полимеров и жидких кристаллов в растворах и расплавах, анализа магнитных и электрических свойств, исследования методом ЯМР.

Центр Биобанк это крупномасштабный биобанкинг - криохранилище человеческого биоматериала, высокотехнологическая молекулярно-генетическая лаборатория и центр персонализированного генетического анализ., В центре Биобанк обеспечивается качественное хранение медицинских и биологических образцов при любых низких температурах (от 0°C до -196°C) по мировым стандартам качества с многоуровневой системой резервирования; создаются и предоставляются коллекции образцов с требуемыми характеристиками и аннотациями для исследований, проводится автоматическое выделение нуклеиновых кислот (ДНК, РНК),

аликвотирование биологических образцов на автоматической станции, анализ последовательности генома, экзома, транскриптома (мРНК и микроРНК), микробиома методом NGS секвенирования. Выполняются следующие проекты: «Геномы России», молекулярные исследования в области трансляционной и профилактической медицины, генетики тяжелых наследственных болезней, в области изучения генетических аспектов физической деятельности и другие.

Молекулярные и клеточные технологии предлагают пользователям современную инструментальную и методическую базу для проведения комплексных исследований в фундаментальной и прикладной биологии и медицине, которые используются при: 1) разработке методов диагностики и лечения рака, 2) получения иммуномодулирующих, иммуностимулирующих, противомикробных и других веществ, претендующих стать фармакологическими препаратами нового поколения, 3) поиске биологически активных веществ, разработке методик и проведение медико-генетической паспортизации, 4) разработке технологий в области нейробиологии для предиктивной диагностики врожденных патологий ЦНС и нейродегенеративных заболеваний, 5) разработке технологий восстановления поврежденных тканей человека и животных. РЦ предоставляет уникальный комплекс оборудования для проведения криоэлектронной микроскопии. Ряд методик, используемых в центре – уникальны (в России делают только в СПбГУ), например, МАЛДИ-иммиджинг молекулярной гистологии и использование изотопных меток iTRAQ в ЖХ-МАЛДИ.

Файл со сведениями, носящими информационный характер, об иных проектах, реализуемых на базе ОИ и финансируемых из иных источников (бюджетных и внебюджетных), и/или выполняемых в рамках международных коллабораций (при наличии)

С графиками, фотографиями, рисунками и иной информацией о содержании проекта. В формате pdf, до 3 Мб.

Файл, скачать...

** Представляемые сведения носят информационный характер.

1.8. Сведения об организации, на базе которой работает ОИ

Полное наименование (приводится в соответствии с регистрационными документами):

федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования "Санкт-Петербургский государственный университет"

Сокращенное наименование:

СПбГУ, Санкт-Петербургский государственный университет

Наименование на английском языке:

Federal State Budgetary Educational Institution of Higher Education "Saint-Petersburg State University"

Организационно-правовая форма (указывается по ОКОПФ):

Федеральные государственные бюджетные учреждения

Форма собственности (указывается по ОКФС):

Федеральная собственность

Ведомственная принадлежность:

Правительство Российской Федерации

ИНН, КПП, ОГРН:

7801002274, 780101001, 1037800006089

Адрес:

199034, г. Санкт-Петербург, Университетская набережная, д. 7/9

Фактический адрес:

199034, г. Санкт-Петербург, Университетская набережная, д. 7/9

Субъект Российской Федерации:

г Санкт-Петербург

Должность, фамилия, имя, отчество (при наличии) руководителя организации:

ректор, Кропачев Николай Михайлович

Контактный телефон:

+78123289701

Электронный адрес (E-mail):

a.zheleznov@spbu.ru

федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования "Санкт-Петербургский государственный университет" (СПбГУ, Санкт-Петербургский государственный университет, ОИ: Научный парк СПбГУ) сообщает о своем обязательстве подписать соответствующее грантовое соглашение и предоставить необходимую инфраструктуру и оборудование для выполнения проекта **«Морские виды, объекты промысла и марикультуры, в условиях гибридизации и клональных раковых инфекций»** (руководитель проекта **Стрелков Петр Петрович**) (далее – Проект) в случае его победы в открытом публичном конкурсе на получение грантов Российского научного фонда по мероприятию «Проведение исследований на базе существующей научной инфраструктуры мирового уровня» Президентской программы исследовательских проектов, реализуемых ведущими учеными, в том числе молодыми учеными.

Мы подтверждаем, что нам понятно содержание пунктов 9 и 31 конкурсной документации.

Мы подтверждаем, что нам понятен перечень работ (услуг), которые наш ОИ предоставит в целях реализации Проекта, и что ОИ способен выполнить указанные работы (предоставить услуги) в согласованных с руководителем Проекта объемах и сроки на условиях настоящей конкурсной документации.

Мы согласны, что права на результаты интеллектуальной деятельности, созданные при выполнении проекта, принадлежат исполнителям этого проекта. Российская Федерация может использовать для государственных нужд результаты интеллектуальной деятельности, созданные при выполнении проекта, на условиях безвозмездной простой (неисключительной) лицензии, предоставленной правообладателем государственному заказчику, с выплатой государственным заказчиком вознаграждения авторам результатов интеллектуальной деятельности.

Мы согласны, в случае необходимости, внести изменения в регламент доступа к оборудованию ОИ, исключающие дополнительный отбор для победителей настоящего конкурса Фонда.

Подпись руководителя организации, на базе которой работает ОИ, (уполномоченного представителя, действующего на основании доверенности (распорядительного документа)), печать (при ее наличии) организации

В случае подписания формы уполномоченным представителем организации (в т.ч. – руководителем филиала) к печатному экземпляру заявки прилагается доверенность (копия распорядительного документа или доверенности, заверенная печатью организации).

_____/_____
М.П.