

## **Анкета 1**

### **Рецензия эксперта**

#### **Сильные стороны проекта**

Не обнаружены

#### **Слабые стороны проекта**

Основной недостаток - умозрительная постановка задачи. "Своя гипотеза" (так в тексте) не вытекает из современных представлений об экологических и физиологических закономерностях существования и функционирования бактериальных популяций. Авторы проекта вырывают из информационного поля второстепенные факты и на их основе пытаются обосновать необходимость проведения сложных и дорогостоящих исследований. При этом они заранее уверены в положительном результате (в свете собственных беспочвенных предположений). Вызывает сомнения уровень квалификации некоторых членов коллектива и правильность выбора партнеров. Так, среди них только один кандидат биологических наук. Помимо него планируется участие одного кандидата ветеринарных наук, двух химиков-аналитиков, двух "ведущих специалистов" (?) и одного студента. А ведь планируется микробиологическое и молекулярно-биологическое исследование! Наконец, проект составлен неряшливо, изобилует ошибками (чего стоит только грамположительная кишечная палочка).

#### **Насколько полно заявитель знает состояние проблемы**

Судя по всему, не очень. Литература анализируется поверхностно. Основное внимание уделено собственным рассуждениям.

#### **Соответствует ли план поставленной задаче**

План работы составлен так, что не понять - какие ожидаются результаты и как они могут соотноситься с перспективой подтверждения (а если нет?) "собственной гипотезы".

#### **Насколько предложенные методы обеспечивают выполнимость проекта**

Методы как методы, сами по себе известные. Но выполнимость проекта определяется не этим, а характером поставленной задачи и научным потенциалом исполнителей (а это как раз вызывает сомнения).

## **Анкета 2**

### **Рецензия эксперта**

#### **Сильные стороны проекта**

Планируется новое и несомненно актуальное развитие традиционно разрабатываемой в С.-Петербургском университете модели коэволюции простейших и их фототрофных симбионтов. Несмотря на некоторые существенные недочеты (включая отсутствие четкого плана работы), заявка заслуживает активной поддержки.

#### **Слабые стороны проекта**

Фундаментальная проблема сформулирована недостаточно четко: неясно, что в первую очередь будет изучаться – экология бактерий или молекулярные механизмы эволюции отдельных генов. Разделение бактерий на мажорные и минорные не представляется корректным, так как при изменении экологической обстановки эти градации могут существенно изменяться.

#### **Насколько полно заявитель знает состояние проблемы**

Авторы имеют вполне адекватное представление о состоянии работ в области изучения авторегуляции, однако в разделе не обоснован выбор исследуемых объектов, в связи с чем непонятно, какой режим эволюции генов синтеза аутоиндукторов авторы предполагают выявлять. Этот вопрос весьма актуален, поскольку один и тот же вид бактерий (в т.ч. *Pseudomonas aeruginosa*) может быть либо доминирующим, либо редким в зависимости от экосистемы.

### **Соответствует ли план поставленной задаче**

В целом соответствует задаче проекта, но недостаточно конкретен. В частности, из плана на 1-й год неясно из каких экосистем и по какому принципу будет отбираться коллекция псевдомонад, каков объем этой коллекции и т.д.

### **Насколько предложенные методы обеспечивают выполнимость проекта**

В работе планируется использование ряда современных экспериментальных методов, включая амплификацию и секвенирование генов. Однако остается неясным, какие биоинформационные методы и подходы будут использованы, в частности будут ли изучаться частоты синонимических и синонимических замен. Поскольку в заявке говорится и об анализе частот нуклеотидных замен, и об изучении вероятности утраты генов, необходимо объяснить, как авторы собираются устанавливать связь между этими показателями.

## **Анкета 3**

### **Рецензия эксперта**

#### **Сильные стороны проекта**

По мнению авторов у микроорганизмов единого сообщества существует неоднородность реакций чувства кворума, что влияет на характер симбионтных взаимоотношений у бактерий обладающих сходными аутоиндукторами. Сопоставление частот нуклеотидных замен в генах рецепторов и генах концевых синтаз *P. aeruginosa*, основного объекта исследования, и у микроорганизмов использующих идентичные аутоиндукторы позволит оценить роль и место разных видов бактерий в микробиальных консорциумах, имеющих идентичные механизмы регуляции реакций кворум сенсинга.

#### **Слабые стороны проекта**

Кроме *P. aeruginosa*, другие микроорганизмы, как объект исследования, практически не охарактеризованы. Не обоснована необходимость их использования в сравнительных исследованиях.

#### **Насколько полно заявитель знает состояние проблемы**

полно

#### **Соответствует ли план поставленной задаче**

соответствует

#### **Насколько предложенные методы обеспечивают выполнимость проекта**

обеспечивают