

Сведения о ходе выполнения проекта в 2023 году

«Широкомасштабный поиск и изучение микроорганизмов и микробных сообществ, ассоциированных с сельскохозяйственными животными и продуктами животного происхождения»

Руководитель проекта: д-р биол. наук, профессор Карначук О.В.

1) Осуществлено профилирование микробиоты 220 образцов фекалий сельскохозяйственных животных и компоста по гену 16S рРНК, в том числе 41 коров, 14 верблюдов, 29 яков, 7 коз, 54 овец, 22 оленей, 3 кроликов, 43 лошадей, 4 свиной и 3 кур. В абсолютном большинстве образцов доминируют представители филумов Firmicutes и Bacteroidota. Выявлены особенности состава кишечной микробиоты для различных видов животных.

2) Осуществлено секвенирование метагеномов 20 образцов компоста и фекалий сельскохозяйственных животных (лошадей и овец) для определения геномов микроорганизмов-членов сообществ. Из метагеномов собраны геномы 415 микроорганизмов-членов микробных сообществ, большинство из которых относились к Bacteroidota, Firmicutes и Verrucomicrobiota. Идентифицированы гены устойчивости к антибиотикам, среди которых преобладала устойчивость к аминогликозидам, бета-лактамам, и антибиотикам MLS группы. Гены гликозилгидролаз были идентифицированы во всех геномах, наиболее насыщенными этими генами были геномы представителей Verrucomicrobiota, Bacteroidota, Firmicutes и Fibrobacterota. Идентифицированы гены ферментов, участвующих в гидролизе растительных полисахаридов, включая целлюлозу и ксилан.

3) Определены и проаннотированы последовательности геномов 20 чистых культур, выделенных из образцов фекалий сельскохозяйственных животных и компоста. Идентифицированы гены устойчивости к антибиотикам и гидролитические ферменты. В результате анализа геномов установлено, что штаммы *Thermoanaerobacterium saccharolyticum* 1250, *Thermoanaerobacterium thermosaccharolyticum* 1255, *Pseudoclostridium thermosuccinogenes* 1305-2, *Paenibacillus barengoltzii* 1281 и [*Clostridium*] *cellulosi* 1324-12 содержат большое число генов гликозил-гидролаз, в том числе ферментов семейств GH3, GH5, GH9, GH10, GH43, которые включают целлюлазы и ксиланазы. Эти штаммы являются перспективными в качестве основы микробных биопрепаратов, предназначенных для деградации сложных растительных полисахаридов.

4) Гидролитические активности 10 штаммов продуцентов, выделенных из образцов компоста, протестированы на природных полисахаридах и синтетических субстратах. Наиболее перспективными для гидролиза целлюлозы являются штаммы [*Clostridium*] *cellulosi* 1324-1, *Thermoanaerobacterium saccharolyticum* 1250 и *Thermoanaerobacterium thermosaccharolyticum* 1255, причем последний способен гидролизовать микрокристаллическую целлюлозу. Для гидролиза ксилана оптимален штамм *Paenibacillus barengoltzii* 1281, а гидролиз крахмала может наиболее эффективно осуществляться штаммами *Paenibacillus barengoltzii* 1281 и *Caldibacillus thermoamylovorans* 1268.

5) На основе устойчивых накопительных культур создано три консорциума, разлагающих различные источники целлюлозы. Консорциум 1 в качестве основного штамма

продуцента содержал штамм [*Clostridium*] *cellulosi* 1324 и в качестве дополнительных гидролитиков и штаммов, обеспечивающих быстрое потребление кислорода присутствовали: *Caldibacillus debilis*, известный своим высоким потенциалом для компостирования и *Acinetobacter* spp. используемые в технологиях очистки от металлов и других техногенных загрязнителей. Консорциум 2 включал анаэробные штаммы-гидролитики *Thermoanaerobacterium saccharolyticum* 1250, *Thermoanaerobacterium thermosaccharolyticum* 1255, дополненные аэробом *Paenibacillus barengoltzii* 1281. Консорциум 3 включал анаэробный *Caldibacillus thermoamylovorans* штамм 1268, дополненные аэробными *Acinetobacter* spp. используемыми в технологиях очистки от металлов и других техногенных загрязнителей.

На базе Алтайского экспериментального хозяйства ТГУ и частного фермерского хозяйства Кемеровской области проведены исследования по моделированию компоста. В экспериментах по компостированию вносили отдельные культуры и консорциумы микроорганизмов в свежий навоз. Эффективность компостирования определяли путем анализа содержания целлюлозы до и после внесения бактерий. Эксперименты на двух полигонах показали, что внесение культур снижало концентрацию целлюлозы с 27.5 ± 4.09 до 1.03 ± 0.057 % от сухого веса в течение месяца. Концентрация целлюлозы снижалась без внесения микроорганизмов до 16.3 ± 0.57 в течение одного года, до 6.0 ± 0.5 в течение трех лет и 5.33 ± 0.57 % от сухого веса навоза в течение 6 лет хранения в компостных кучах.

6) В результате проведенных работ из традиционных кисломолочных продуктов различных регионов Российской Федерации было выделено 334 штамма микроорганизмов, которые были описаны и паспортизированы. С помощью MALDI-TOF MS было типологизировано 645 штаммов бактерий и дрожжей из различных продуктов. Из общего числа идентифицированных микроорганизмов 544 представлены бактериальными штаммами, 101 - дрожжами.

Из 645 штаммов на основании исследований вязкости и кислотности были отобраны 122 штамма (117 бактерий и 5 дрожжей), для которых была проведена более полная характеристика. Для отобранных микроорганизмов были дополнительно выполнены тесты на чувствительность к 8 различным антибиотикам, а также было оценено наличие роста в присутствии 2.0; 4.0 и 6.5 % NaCl и при pH 2.0; 3.0 и 9.2. Так же дополнительно была исследована постокислительная активность - важная технологическая характеристика для промышленных штаммов.

7) Проведено геномное секвенирование 34 микроорганизмов, выделенных из различных видов кисломолочных продуктов (айрана, кефира, простокваши, ряженки, чегена, сырных заквасок, сыра и шубата), микробный состав которых исследовался на предыдущих этапах работы. Было показано, что один штамм относился к *Staphylococcus warneri*, остальные 33 чистые культуры - к молочнокислым бактериям филума *Bacillota* таксонов: *Lactococcus lactis*, *Lc. cremoris*, *Lacticaseibacillus paracasei* и *Lacticaseibacillus rhamnosus*, *Leuconostoc mesenteroides*, *Leu. citreum* и *Leu. falkenbergense*, *Lactobacillus delbrueckii*, *Levilactobacillus brevis*, *Levilactobacillus paracasei*, *Lentilactobacillus dabitei*, *Lentilactobacillus kefirii*.

Проанализированы 34 генома чистых культур молочнокислых бактерий, выделенных из различных национальных кисломолочных продуктов (айрана, кефира, простокваши, ряженки, чегена, сырных заквасок, сыра и шубата). В их геномах проведен поиск генов синтеза антимикробных соединений и генов устойчивости к антибиотикам. Получен перечень

чистых культур молочнокислых бактерий, следующих таксонов: *Lactococcus lactis*, *Lc. cremoris*, *Lacticaseibacillus paracasei* и *Lacticaseibacillus rhamnosus*, *Leuconostoc mesenteroides*, *Leu. citreum* и *Leu. falkenbergense*, *Lactobacillus delbrueckii*, *Levilactobacillus brevis*, *Lentilactobacillus dabitei*, *Lentilactobacillus kefir*, потенциально синтезирующих антимикробные соединения (такие как бактериоцины и лантипептиды различных классов, поликетиды и другие).

8) Выполнена первичная характеристика антибиотической активности 37 штаммов молочнокислых бактерий. У 36 из них показана антагонистическая активность против одного или нескольких штаммов условно патогенных бактерий, таких как *Enterococcus faecalis*, *Enterococcus faecium*, *Staphylococcus aureus*, *Pseudomonas aeruginosa*, *Klebsiella pneumoniae*, *Bacillus subtilis*, и патогенной бактерии *Shigella sonnei*. Создана коллекция микроорганизмов, способных подавлять нежелательную и патогенную микрофлору для различных целей (получение пищевых консервантов, соединений с антимикробной активностью, пищевых заквасок с целевыми свойствами и т.п.).

9) Проведено выделение сельскохозяйственно-значимых микроорганизмов (СХЗМ) на основе метагеномной информации и профилирования гена 16S рНК в образцах фекалий и компоста редких сельскохозяйственных животных (РСХЖ). В результате проведенных исследований получены чистые культуры бактерий из фекалий РСХЖ Республики Бурятия и Забайкальского края. Осуществлено выделение СХЗМ (24 изолята) из образцов фекалий и компоста редких аборигенных nomadных животных (РСХЖ) - забайкальских верблюдов (5 изолятов), бурятских лошадей (6 изолятов), тофаларских оленей (4 изолята), яков (4 изолята), бурятских овец буубэй (1 изолят) и компоста коров и овец (4 изолята). Таксономический состав показал, что выделенные бактерии относятся к филумам *Pseudomonadota*, *Bacillota*, *Actinobacteria* и классам *Gammaproteobacteria*, *Betaproteobacteria*, *Bacilli* и *Actinomycetia*, семействам *Bacillaceae*, *Paenibacillaceae*, *Erwiniaceae*, *Moraxellaceae*. Таксономический анализ выявил сходство на уровне 99.52–100 % выделенных бактерий с ранее валидированными видами в базе данных NCBI. Большинство выделенных штаммов не проявили резистентность к антибиотикам. Выделенные изоляты из фекалий аборигенных nomadных животных имеют высокий биотехнологический потенциал. Подготовлены паспорта 24 штаммов бактерий. Выделенные чистые культуры депонированы в Биобанк СХЗМ ТГУ.

10) Проведено секвенирование 10 образцов микробиоты фекалий архаров, отобранных сотрудниками Томского Государственного Университета в ходе экспедиции на Алтай. Полученные данные могут использоваться для сборки и биннинга геномов потенциальных продуцентов новых гликозил-гидролаз, а также для исследования экологии и особенностей рациона этих редких животных.

11) Организованы мероприятия по вовлечению граждан в выполнение исследовательской программы в рамках гражданской науки; обеспечено участие 3096 человек (обучающихся) в реализации исследовательской программы.

Проведен широкомасштабный поиск и сбор 6912 биологических образцов для исследования микроорганизмов; проведен анализ данных и результатов, полученных в ходе выполнения исследовательской программы.

12) Проведены исследования по конструированию искусственных микробных консорциумов с использованием 5 образцов почв из различных природных зон и проведена

оценка потенциала солиubilизации фосфатов природными консорциумами. Наиболее активными фосфатсолиubilизирующими свойствами обладал образец промышленного почвогрунта. Из данного образца был выделен природный консорциум NO1: бинарный микробный консорциум NO1, который состоял из *Novosphingobium* sp. с присутствием примерно 1% бактерий *Pseudomonadaceae*. При разработке технологии конструирования консорциумов для экспериментов по созданию искусственного консорциума способного к фиксации атмосферного азота и солиubilизации фосфора были также использованы ранее выделенные штаммы фосфатсолиubilизирующих бактерий, относящихся к семейству *Enterbacteriaceae*. Гены, принимающие участие в солиubilизации фосфатов, были найдены у всех исследованных культур, но наибольшее разнообразие наблюдалось у культуры PhoO2. Было показано, что в большинстве случаев искусственный консорциум, состоящий из азотфиксирующего бинарного консорциума NO1 и фосфатмобилизирующих культур, эффективнее растворяет фосфаты в сравнении с отдельными культурами. Наиболее эффективным консорциумом по абсолютным значениям растворения PO₄³⁻ является искусственный консорциум NO1 и PhoO2. Получены новые данные о конструировании искусственных микробных консорциумов.

13) Разработана комплексная методика оценки стабильности искусственных микробных консорциумов и подбора оптимальных условий культивирования, которая предполагает последовательное применение методических подходов: оценку биосовместимости микроорганизмов на агаризованных питательных средах; определение титра жизнеспособных клеток при длительном хранении в культуральной жидкости в монопрепаратах и консорциуме при различных температурах; получение анабиотических покоящихся форм клеток микроорганизмов; определение активности культур после анабиоза и хранения в культуральной жидкости; оценку ферментативной и биологической активности культур после хранения и анабиоза. В рамках исследования влияния микробных консорциумов на ризосферу растений и их апробация на модельных объектах изучено влияние консорциумов на рост и развитие кукурузы и ее почвенной микробиоты. Работа проведена на кукурузе сорта Лакомка с использованием биопрепарата Фитоп 8.67 (на основе бактерий *Bacillus amyloliquefaciens* ВКПМ В-10642, *B. amyloliquefaciens* ВКПМ В-10643, *B. subtilis* ВКПМ В-10641), Консорциумов 1 и 2. Выявлено, что применение биологического препарата и микробиологических консорциумов, оказывало положительное влияние на формирование благоприятной микробной среды, что способствовало лучшему росту и развитию растений кукурузы. При оценке влияния консорциумов на основе *B. subtilis* и *B. amyloliquefaciens* на рост и развитие картофеля и его почвенной микробиоты было подтверждены ростостимулирующие и фунгицидные свойства бактерий *Bacillus amyloliquefaciens* и *B. subtilis*, входящих в состав консорциума. Обработка клубней консорциумом приводила к изменению состава почвенной микробиоты: количество бактерий, усваивающих минеральный и органический азот (аммонификаторов) значительно увеличилось. Этот эффект сопровождался улучшением морфометрических и физиологических показателей картофеля и увеличением урожая. Для снижения распространенности фитопатогенного гриба *Rhizoctonia solani* на стеблях, столонах и клубнях картофеля, стимулирования ризосферной микробиоты и повышения продуктивности и качества нового урожая рекомендуется предпосадочная обработка клубней картофеля бактериальным консорциумом в концентрации 1×10^6 КОЕ/мл.

14) Осуществлено пополнение коллекции Биобанка СХЗМ, созданного на базе ТГУ в рамках реализации проекта. За отчетный период в коллекцию биобанка поступило 6000 образцов компоста и навоза СЖ, отобранных гражданскими учеными и 185 образцов фекалий, навоза СЖ, РСЖ, компоста, перегноя, кисломолочных продуктов, отобранных профессиональными учеными в разных регионах России (Республика Якутия, Республика Алтай, Томская и Кемеровская области). Благодаря использованию методов гражданской науки, удалось добиться значительного географического охвата отобранных образцов (от Мурманской области до Республики Саха). Также в отчетный период было депонировано 300 проб геномной ДНК, выделенной из образцов, поступивших в биобанк. Все образцы хранятся в соответствующих условиях и с выдержанным температурным режимом, ассоциированная с образцами информация, заносится в специально созданную информационную систему Биобанка СХЗМ ТГУ с возможностью хранения и визуализации мест отбора образцов на карте. Кроме того, за отчетный период в Биобанке СХЗМ ТГУ депонировано 20 штаммов микроорганизмов, выделенных из биологических образцов, отобранных в предыдущий отчетный период.

15) Разработана документация, содержащая описание выполнения генетической технологии для использования в сельском хозяйстве. В результате исследований была разработана генетическая технология по созданию штамма бактерии, способного к повышенному поглощению фосфора из среды для применения в сельском хозяйстве и защиты окружающей среды, проведена разработка программы и методики проверки соответствия штамма *Serratia* sp. PhoU заявленному свойству по способности поглощать фосфор в повышенном количестве относительно не трансформированного штамма.

Программа исследований включает в себя следующие стадии: подготовка средств для проведения исследования, создание необходимых условий; культивирование не трансформированного штамма *Serratia* sp. и трансформированного штамма *Serratia* sp. PhoU в одинаковых условиях на одной питательной среде с одновременным отбором проб на протяжении всего времени культивирования; измерение содержания фосфора в пробах питательной среды; измерение содержания белка в пробах биомассы обоих культивируемых штаммов; сравнение поглощения фосфора обоими штаммами в пересчете на микромоляр фосфора фосфатов на миллиграмм белка; проверка соответствия исследуемого трансформированного штамма заявленным свойствам.

Также разработаны протокол экспериментальных исследований с описанием программы и методики экспериментальных исследований, акты получения консорциума в результате применения технологии, протоколы испытаний технологии.

16) Проведены патентные исследования в области биотехнологии, микробиологии, пищевой промышленности. В 2023 году подготовлены и поданы две заявки на патент РФ 1) «Штамм бактерий *Lacticaseibacillus paracasei* subsp. *paracasei* 1338 ВКМ В-3753D для производства кисломолочных продуктов в качестве пробиотика». 2) «Средство для стимуляции роста и защиты картофеля от ризоктониоза».

17) Проведено выделение ДНК из образцов фекалий сельскохозяйственных животных и компоста (300 образцов), собранных гражданскими учеными и научно-исследовательским коллективом на втором и третьем этапах выполнения Плана-графика. Проведено описание

образцов ДНК, включающее концентрацию и чистоту полученных препаратов. Все препараты удовлетворяли требованиям для высокопроизводительного секвенирования.

Подготовка кадров и развитие кадрового потенциала

На третьем этапе выполнения работ по проекту в 2023 году было произведено обучение по программе «Микробиология и метагеномика в сельском хозяйстве», запуск которой состоялся весной и осенью 2023 года. В результате проведения двух запусков программы было обучено 155 слушателей с выдачей удостоверения о повышении квалификации и справками об обучении. Программа рассчитана на 72 часа, при этом разделена на две части: теоретический блок, в который входят модули «Микробиология в сельском хозяйстве» и «Геномика микроорганизмов», а также практический блок, включающий модули «Методы анализа микробных сообществ в сельском хозяйстве», а также «Анализ метагеномных данных». Программа предполагает возможность выбора образовательной траектории в зависимости от того планирует ли слушатель осваивать практические навыки или нет. При анализе результатов повторных запусков была получена положительная обратная связь от слушателей. По результатам опроса обучающихся содержание программы в значительной степени дополняет знания, полученные в ходе обучения студентов по основным образовательным программам, а также позволяет получить новые знания для специалистов, которые уже не являются студентами. Итоговое оценивание образовательных результатов слушателей позволяет утверждать, что трудоемкость модулей программы достаточна для достижения запланированного образовательного результата и не требует существенных доработок. Образовательные результаты теоретических модулей оценивались путем проведения тестов и личных собеседований с преподавателем. Содержание дисциплин программы оценивалась слушателями, по результатам опроса как высокая. Преподаватели модулей программы являются специалистами в предметной области модулей, а также имеют опыт преподавательской деятельности.

Кросс-дисциплинарный модуль «Синтетическая биология» был разработан и запущен в Томском государственном университете с целью распространение знаний и популяризация технологий геной инженерии для создания организмов с новыми свойствами студентов и сотрудников высших учебных заведений и других организаций. В 2023 году проведено обучение 17 слушателей модуля с выдачей удостоверений повышения квалификации.

Организованы мероприятия по вовлечению граждан в выполнение исследовательской программы в рамках гражданской науки; обеспечено участие в рамках отчетного этапа 2023 года в количестве 3096 человек, вовлечение обучающихся в исследовательскую программу осуществлено путем реализации разработанных технологий и методов массовых экспериментов с применением разработанных исследовательских наборов. Осуществлена подготовка обучающихся, планируемых к участию в реализации исследовательской программы в рамках гражданской науки. Проведен широкомасштабный поиск и сбор 6912 биологических образцов для исследования микроорганизмов; проведен анализ данных и результатов, полученных в ходе выполнения исследовательской программы.

Проведены краткосрочные стажировки трех исследователей до 39 лет в ведущих научных центрах в области коллекций микроорганизмов-продуцентов, молекулярной биологии и геномики: Московском государственном университете им. М.В. Ломоносова

(г. Москва), Федеральном исследовательском центре «Фундаментальные основы биотехнологии» РАН (г. Москва), Научно-технологическом университете Сириус (г. Сочи).

24-29 сентября 2023г Томским государственным университетом организован и проведен 4-й Российский Микробиологический конгресс. Целью Конгресса стал обмен новейшими результатами исследований в области микробиологии, установление и поддержание контактов между учеными, представителями сферы образования и бизнеса. Также в рамках Конгресса прошел Съезд Межрегионального Микробиологического Общества и сателлитный симпозиум «Молекулярная биология, биохимия и экология дрожжей». В конгрессе приняло участие 504 исследователей из России, 204 из них в возрасте до 39 лет. Конгресс был проведен в очной форме. Присутствовали ученые из разных регионов РФ, а также международные участники (Таджикистан, Армения, Беларусь, Казахстан). С приглашенными лекциями на конгрессе выступили ведущие Российские специалисты в области микробиологии, биотехнологии и молекулярной биологии, сельскохозяйственной биотехнологии – академик РАН, профессор, д.х.н. В.О. Попов; академик РАН, профессор, д.б.н., В.А. Степанов; д.б.н., профессор А.С Яненко; д.б.н., профессор, С.Н. Дедыш; д.б.н., профессор М.В. Донов; д.б.н., профессор Н.В. Равин; д.б.н., профессор М.С. Гельфанд; д.б.н., профессор Т.И. Земская; д.б.н., профессор М.Ю. Грабович; д.б.н., профессор В.А. Щербакова. Были заслушаны устные доклады молодых ученых и проведены постерные сессии. Лекции ведущих ученых и молодых специалистов прослушали студенты ТГУ и ученики старших классов средних школ (школа «Перспектива»). Пленарные, секционные и стендовые доклады были представлены в рамках пяти секций: - Разнообразие и экология микроорганизмов; - Метаболизм и геномика микроорганизмов; - Микробные агробiotехнологии; - Микробные технологии; - Медицинская микробиология. В рамках секции «Микробные агробiotехнологии» приняли участие 54 молодых ученых в возрасте до 39 лет. По итогу работы Конгресса был выпущен сборник тезисов. Ссылка на сайт мероприятия: <https://microbiology-congress.ru/>.

Осуществлено участие членов научного коллектива, реализующего исследовательскую программу в следующих конференциях: II Всероссийская школа-конференция «Сохранение и преумножение генетических ресурсов микроорганизмов», 26-27 июня 2023 г., г. Санкт-Петербург; IV Российский Микробиологический конгресс, 24-29 сентября 2023 г., г. Томск, Всероссийская научная школа-конференция молодых ученых и студентов «Генетические технологии в исследованиях природных соединений», 3-7 октября 2023г., г. Владивосток.

С октября по декабрь 2023г. директор центра и инженер-исследователь ЦКП «Геномные и метагеномные исследования» прошли дополнительное обучение с последующей аттестацией и допуском к самостоятельной работе на оборудовании. Сотрудниками получены квалификационные удостоверения.

Создание и развитие на базе научных и образовательных организаций высшего образования лабораторий и центров, осуществляющих исследования в области генетических технологий, в частности технологий генетического редактирования, и их техническая поддержка, по направлениям реализации Федеральной программы

1) В процессе реализации задачи по развитию инфраструктуры Биобанка СХЗМ ТГУ было осуществлено дооснащение оборудованием и расходными материалами, позволяющими обеспечить его успешное функционирование. Было закуплено компьютерное оборудование

для каталогизации и сохранности данных о поступивших на хранение образцах и расходные материалы для осуществления пробоподготовки и последующих процедур приемки, оценки качества и депонирования образцов. Благодаря развивающейся инфраструктуре Биобанка, было значительно увеличено количество мест и условия хранения поступающих образцов. За все время реализации проекта в биобанк было депонировано более 9 тысяч образцов биологического материала, ассоциированного с сельскохозяйственными животными, в том числе компоста, навоза и кисломолочных продуктов, а также штаммов сельскохозяйственно значимых микроорганизмов. Функциональность информационной системы «БИОБАНК СХЗМ ТГУ» доступна для пользователей в круглосуточном режиме с использованием сети Интернет <https://biobank.microbiomes.ru/>. Поддерживается постоянно обновляемая географическая информационная система «ГИС Биобанк СХЗМ» для отображения мест отбора образцов и их характеристики <https://biobank.microbiomes.ru/map/>. В полном объеме осуществлено организационно-техническое, организационно-методическое, планово-финансовое и правовое сопровождение мероприятий реализации исследовательской программы.

2) В рамках третьего этапа создана Лаборатория «Полигон моделирования компоста» ТГУ. Подготовлено и укомплектовано помещение для лаборатории.

3) Осуществлено материально-техническое обеспечение Лаборатории искусственных микробных консорциумов и Лаборатории биотехнологии микроорганизмов и растений, созданных в рамках второго этапа. Закуплено оборудование и материалы.

4) В рамках третьего этапа в 2023 году в Томском государственном университете создан Центр коллективного пользования «Геномные и метагеномные исследования» (Приказ от 11.07.2023 №737/ОД). В соответствии с Уставом ТГУ было разработано и утверждено Положение о Центре коллективного пользования «Геномные и метагеномные исследования» (ЦКП ГМИ), в котором регламентированы задачи и функции подразделения. Страница центра создана в соответствии с типовыми требованиями к содержанию и функционированию официальных сайтов ЦКП и располагается по адресу: <https://www.tsu.ru/university/structure/centr/genomic.php>. ЦКП ГМИ зарегистрирован на портале Научно-технологической инфраструктуры Российской Федерации «Центры коллективного пользования научным оборудованием и уникальные научные установки» <https://ckp-rf.ru/> (регистрационный номер 3995774). Разработана и утверждена документация для организации деятельности ЦКП ГМИ. В частности, разработаны и утверждены должностные инструкции согласно штатному расписанию директора центра коллективного пользования и инженера-исследователя ЦКП ГМИ, шаблон договора на оказание услуг и заявка на проведение услуг, утвержден перечень и стоимость услуг, который актуализируются при изменении перечня предоставляемых услуг или изменения стоимости услуг.