

14 июня в 9:00 состоялась защита моего исследовательского проекта **«Реконструкция консенсусных аминокислотных последовательностей сапробных групп гидробионтов по маркерному белку COI»** (Научный руководитель: к.т.н., доцент Фролова Людмила Леонидовна) в рамках программы **«Информатика новых материалов»** по треку **«Биоинформатика»** на [цифровых кафедрах КФУ](#) с присвоением квалификации **программиста**.

Во время защиты я продемонстрировал разработанную мной на языке программирования Python **программу автоматизированной реконструкции консенсусных аминокислотных последовательностей** для анализа аминокислотных последовательностей сапробных групп гидробионтов по маркерному белку COI для применения в экологической оценке качества воды водоемов методом биоиндикации.

Исследование в данном направлении проводилось впервые, полученные результаты представляют большой практический интерес – предлагаемый инновационный подход на основе современных методов молекулярной генетики и биоинформатики позволит значительно упростить и оптимизировать метод биоиндикации.

Слайды из презентации проектной работы



Проектная работа на тему:

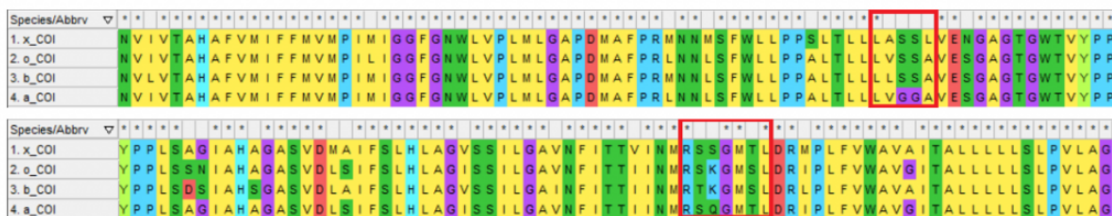
Реконструкция консенсусных аминокислотных последовательностей сапробных групп гидробионтов по маркерному белку COI

Свердруп Антоний Элиас 01-001 ИФМиБ

Научный руководитель: к.т.н., доцент Фролова Л.Л.

Множественное выравнивание консенсусных аминокислотных последовательностей белка COI по группам сапробности гидробионтов и поиск уникальных сайтов

По результатам множественного выравнивания консенсусных аминокислотных последовательностей белка COI биондикаторов по группам сапробности в структуре белка можно выделить два общих сайта в позициях 59-63 и 118-124, уникальных для каждой группы сапробности:



Сапробность	Позиции	
		59-63
х-	LASSL	RSSGMTL
о-	LVSSA	RSKGMSL
б-	LLSSA	RTKGMSL
а-	LVGGA	RSQGMSL