



Основан в 1921 г. как
«Труды Белорусского
государственного
университета»

Выходил до 1937 г.

Возобновлен в 2006 г.

Т Р У Д Ы

**Белорусского государственного
университета**

СЕРИЯ

**«Физиологические,
биохимические и молекулярные основы
функционирования биосистем»**

Научный журнал

Том 5

В двух частях

Часть 1

Минск
2010

SQ – КОМПЬЮТЕРНАЯ ПРОГРАММА ДЛЯ РЕДАКТИРОВАНИЯ И АНАЛИЗА БИОЛОГИЧЕСКИХ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЕЙ

Е.А. Николайчик, Л.Н. Валентович

Белорусский государственный университет, Минск, Республика Беларусь

Введение

Анализ последовательностей биологических макромолекул (ДНК, РНК, белков) является существенной частью повседневной работы современного биолога. Из-за большого размера макромолекул в подавляющем большинстве случаев такой анализ требует использования специализированных программ для просмотра аннотированных последовательностей, выявления интересующих исследователя функциональных участков, рестрикционного анализа, подбора праймеров для ПЦР и т.д. Кроме того, планирование молекулярно-биологических экспериментов *in silico* перед их реальной постановкой *in vitro* способно сэкономить время, средства и помочь избежать ошибок.

В связи с большим разнообразием возможных вариантов анализа последовательностей ДНК и потребностей молекулярных биологов в настоящее время существует значительное количество компьютерных программ, в той или иной степени эти потребности удовлетворяющих. Существующие программные решения можно разделить на две группы: крупные программные пакеты, способные выполнять всесторонний анализ последовательностей ДНК, и специализированные программы, предназначенные для решения конкретной частной проблемы. В первом случае речь идет, как правило, о наборе небольших программ (например, пакет EMBOSS [1]) суммарно представляющих мощный аналитический инструмент, который, однако, из-за слабой связи этих программ между собой и нестандартного интерфейса не очень удобен для молекулярного биолога, не специализирующегося в области биоинформатики. Программы второй группы имеют, как правило, более привычный простой графический интерфейс и должны быть удобнее в работе (при условии реализации всех необходимых для пользователя функций). Несколько особняком стоят web-приложения, среди которых можно, наверное, найти программы для всех мыслимых вариантов анализа последовательностей биологических макромолекул, но подавляющее большинство таких приложений является слишком узкоспециализированными. Большим минусом таких web-решений является затрата огромного количества времени, которое уходит на поиск соответствующего приложения, а также неопределённое время существования ссылки, по которой можно получить к нему доступ.

Отдельным аспектом рассматриваемой проблемы является использование таких программ в процессе обучения молекулярных биологов. Программа, используемая при обучении, должна иметь максимально удобный и понятный интерфейс, желательно на родном языке обучаемого. Кроме того, такая программа должна быть доступна для молекулярного биолога и по окончании периода обучения, что исключает использование дорогого коммерческого программного обеспечения, производители которого иногда предлагают бесплатные или более дешевые академические версии (недоступные большинству выпускников).

При анализе доступного программного обеспечения нам не удалось найти ни одной программы, удобной для отечественных молекулярных биологов и пригодной для использования при обучении, что и обусловило разработку русскоязычной молекулярно-биологической программы SQ, описание основных функциональных возможностей и подходов к использованию которой приведено ниже.

Концепция программы и ее реализация

SQ – редактор последовательностей ДНК, предназначенный для создания, редактирования и анализа последовательностей ДНК, а также для моделирования экспериментов молекулярного клонирования и ПЦР. Простота и удобство интерфейса были

одной из основных целей при разработке программы SQ. Для достижения этой цели в SQ реализованы поддержка альтернативных языков интерфейса, удобная панель инструментов и использование вкладок вместо отдельных окон для отображения результатов анализа последовательности.

Программа SQ разработана с использованием REAL Studio – современной объектно-ориентированной RAD-среды разработки кроссплатформенных приложений для MacOS, Linux и Microsoft Windows.

Процедуры рестрикционного анализа используют базу данных REBASE [2]. Программа SQ использует классификацию стандартных функциональных участков последовательностей ДНК, принятую в формате GenBank [3] и таблицы генетического кода [4], опубликованные на сайте NCBI.

В настоящей статье рассматривается версия программы SQ 2.0.0a18 для Microsoft Windows. Программа SQ распространяется свободно и не имеет ограничений по ее использованию. Последняя версия программы и вспомогательные файлы доступны для загрузки на официальном сайте проекта SQ [5].

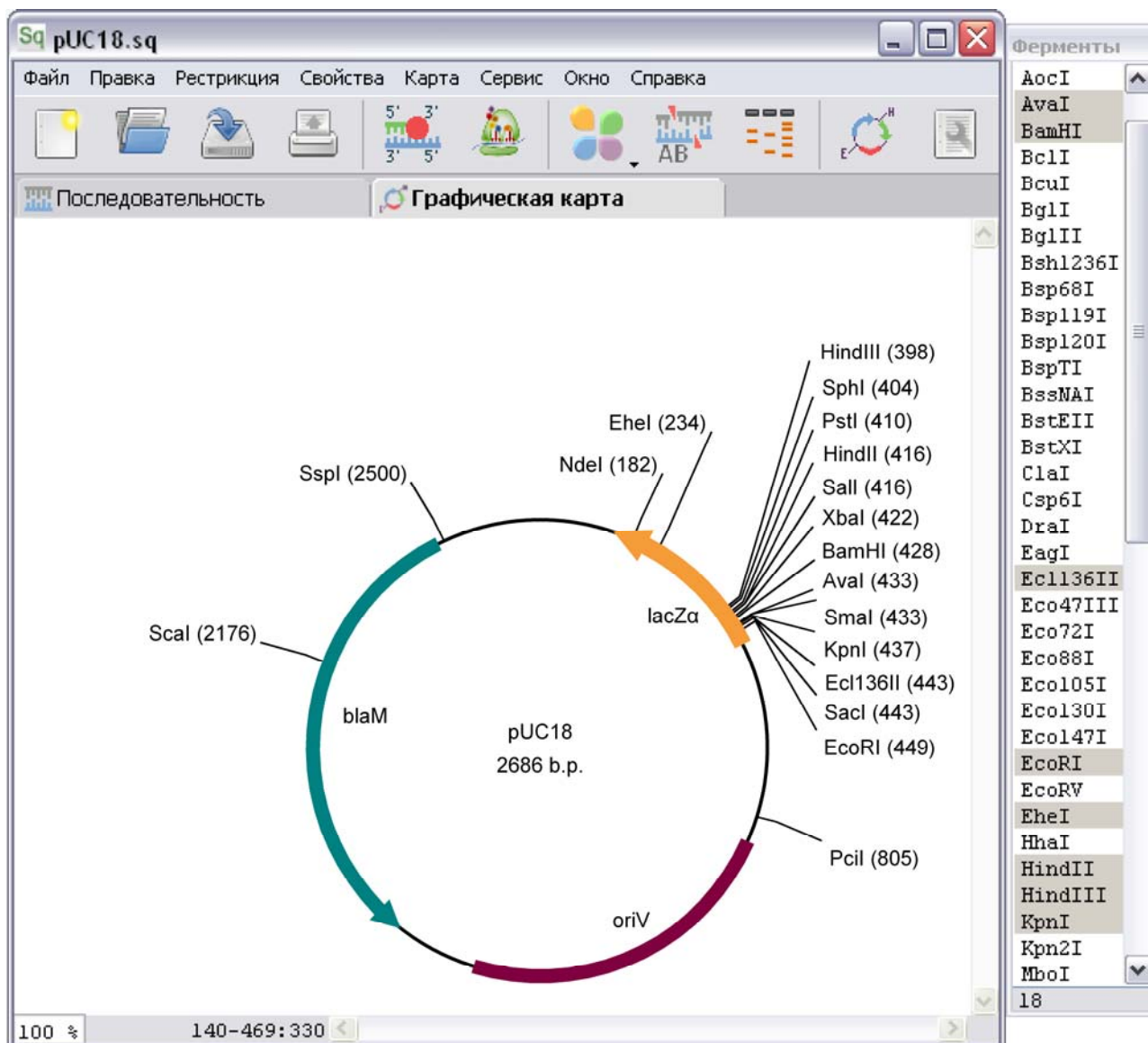
Интерфейс программы

При запуске программы открывается основное окно, а также вспомогательное со списком доступных рестрикционных эндонуклеаз (рисунок 1). Верхнюю часть основного окна занимает панель инструментов, которая обеспечивает легкий доступ к наиболее часто используемым функциям SQ и может быть легко настроена в соответствии с предпочтениями пользователя. Настройка доступна через контекстное меню, которое можно вызвать, щелкнув правой кнопкой мыши в любом месте панели. Здесь можно выбрать размер значков и включить/выключить подписи к ним. Кроме того, последняя опция контекстного меню откроет окно, в котором можно выбрать требуемые значки и указать порядок их расположения. Еще одна возможность настройки – смена набора значков панели инструментов. С программой распространяется два таких набора. Сменить набор значков можно также через настройки панели инструментов. При желании пользователи могут создавать собственные наборы значков для использования в панели инструментов SQ с помощью простой вспомогательной программы, доступной через официальный сайт SQ [6].

Большую часть окна SQ занимают вкладки, из которых при первом запуске программы будет доступна только одна – «Последовательность». Результаты любого анализа этой последовательности отображаются в новых вкладках (а не в отдельных окнах, как в других аналогичных программах), что предотвращает быстрое загромождение экрана многочисленными окнами и упрощает работу с конкретной последовательностью. Такой подход должен быть удобен для большинства пользователей, привычных к современным интернет-обозревателям. Во многих случаях настройки способа представления данных в активной вкладке доступны через кнопку настроек в панели инструментов. При закрытии основного окна все вкладки закрываются автоматически.

Будучи относительно простой программой, SQ не имеет отдельного окна настроек. Единственная (помимо панели инструментов) конфигурируемая опция – доступный через меню "Сервис" выбор шрифтов (одного моноширинного и одного пропорционального), используемых для отображения текстовой информации в различных частях программы. При изменении пользователем размера окна и списка используемых ферментов эти настройки сохраняются автоматически вместе с файлом.

Многие объекты на карте являются активными и предназначены для взаимодействия с пользователем. Задержка указателя мыши на многих элементах интерфейса приводит к появлению всплывающей подсказки о функциях данного элемента. Во многих местах (панель инструментов, текстовый редактор, графические карты, вспомогательное окно со списком ферментов) работает вызываемое щелчком по правой кнопке мыши контекстное меню со списком подходящих к ситуации функций программы.



Русская версия интерфейса с основным набором значков
Рисунок 1 – Основное и вспомогательное окна программы SQ

Вкладки, отображающие последовательность ДНК целиком («Последовательность», «Графическая карта» и «Карта рамок считывания»), тесно взаимосвязаны. Выделение какого-нибудь объекта (или просто фрагмента последовательности) на одной из них автоматически выделяет соответствующий участок на двух других.

Отличительной особенностью программы SQ является многоязыковой интерфейс. В настоящий момент с программой распространяются три набора файлов локализации: английский, русский и белорусский. Файлы локализации содержат перевод всех текстовых элементов интерфейса, включая меню, текстовых элементов окон и справки. Язык интерфейса переключается автоматически вместе с языком системы. Если соответствующая локализация отсутствует, используется английский язык.

Базовые операции с нуклеотидными последовательностями

Последовательности ДНК могут быть добавлены в SQ путем простого копирования-вставки из другой программы или за счет открытия текстовых файлов с нуклеотидными последовательностями. Поддерживается неформатированный текст, а также форматы FASTA [7] и GenBank [3]. В последнем случае считывается не только последовательность, но и ее функциональная аннотация. При открытии аннотированной последовательности сразу открывается дополнительная вкладка с графическим представлением аннотированных

функциональных участков. Сохранение измененных файлов – в собственном формате SQ, который кроме последовательности (и ее аннотации) позволяет также сохранить графические карты (кольцевую и линейную). Оригинальный алгоритм сжатия нуклеотидных последовательностей, используемый при записи файлов в формате SQ, позволяет получить до 75% экономии дискового пространства. Планируется полная поддержка основных биологических форматов при открытии файлов, и сохранение последовательностей в текстовом и GenBank-форматах.

Вкладка «Последовательность» представляет собой простейший текстовый редактор, в котором можно изменять, добавлять и удалять символы нуклеотидов. При редактировании последовательности координаты ее аннотированных функциональных участков изменяются соответственно.

С последовательностью можно проводить простейшие операции: получить обратную, комплементарную или обратно-комплементарную цепь (меню «Сервис»). В каждом из этих случаев открывается новое окно.

Определенный участок последовательности можно найти с помощью одной из трех поисковых функций. В запросе для первых двух из них (доступны через меню «Правка») можно использовать стандартные коды IUB [8] для неоднозначных (вырожденных) позиций, что позволяет легко находить функциональные участки по консенсусной последовательности. Альтернативный подход предназначен для поиска промоторных, операторных и прочих последовательностей, состоящих из двух консервативных участков, разделенных некоторым количеством неконсервативных нуклеотидов. Так, например, запрос для поиска, представленный на рисунке 2, предназначен для поиска HrpL-зависимых промоторов [9] в геномной ДНК фитопатогенных бактерий родов *Pectobacterium* и *Dickeya*.

Отдельно реализована (и доступна через меню «Рестрикция») функция поиска рестрикционных сайтов.

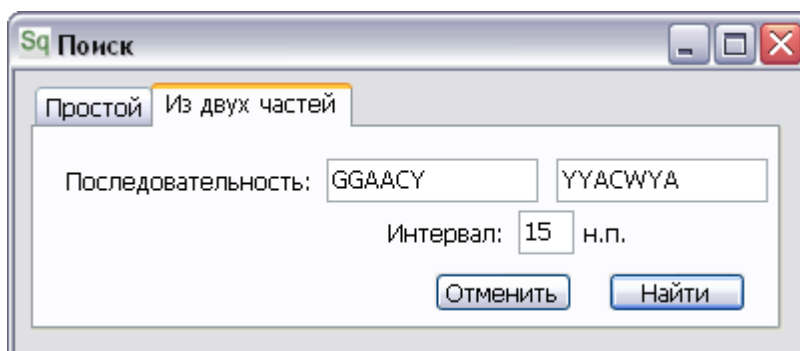


Рисунок 2 – Пример запроса для поиска последовательности промотора

Создание, отображение и редактирование аннотации последовательности ДНК

К программе SQ прилагается база данных наиболее часто встречаемых в векторных молекулах последовательностей функциональных участков ДНК: генов антибиотикорезистентности, промоторов, терминаторов, точек инициации репликации и т.д., что позволяет легко находить эти стандартные элементы в неохарактеризованных последовательностях. При использовании пункта «Автоаннотация» из меню «Аннотация» присутствующие в базе данных элементы будут отмечены в файле SQ и отображены на графической карте при условии 100%-ного совпадения с последовательностью в базе данных, входящей в дистрибутив SQ. База данных функциональных участков ДНК находится в файле FeatureDB.txt, представляет собой обычный текстовый файл и может редактироваться пользователем в случае необходимости (например, для добавления дополнительных стандартных последовательностей).

При отсутствии необходимой последовательности в базе данных и, соответственно, невозможности автоматической аннотации, необходимые функциональные участки

последовательности можно указать вручную. Соответствующие функции SQ позволяют добавить элемент аннотации, выбрать его тип в соответствии с форматом GenBank, указать его координаты, ориентацию, а также настроить форму, размеры и цвет графического объекта, которым будет представлен функциональный участок на карте.

Для графического представления вновь аннотированной последовательности можно выбрать функцию «Графическая карта» из меню «Карта», что приведет к открытию новой вкладки с интерактивной картой аннотированных функциональных участков. Щелчок левой кнопкой мыши на представленные на карте объекты выделяет соответствующую нуклеотидную последовательность в первой вкладке, а также во вкладке «Карта рамок считывания» (если она открыта).

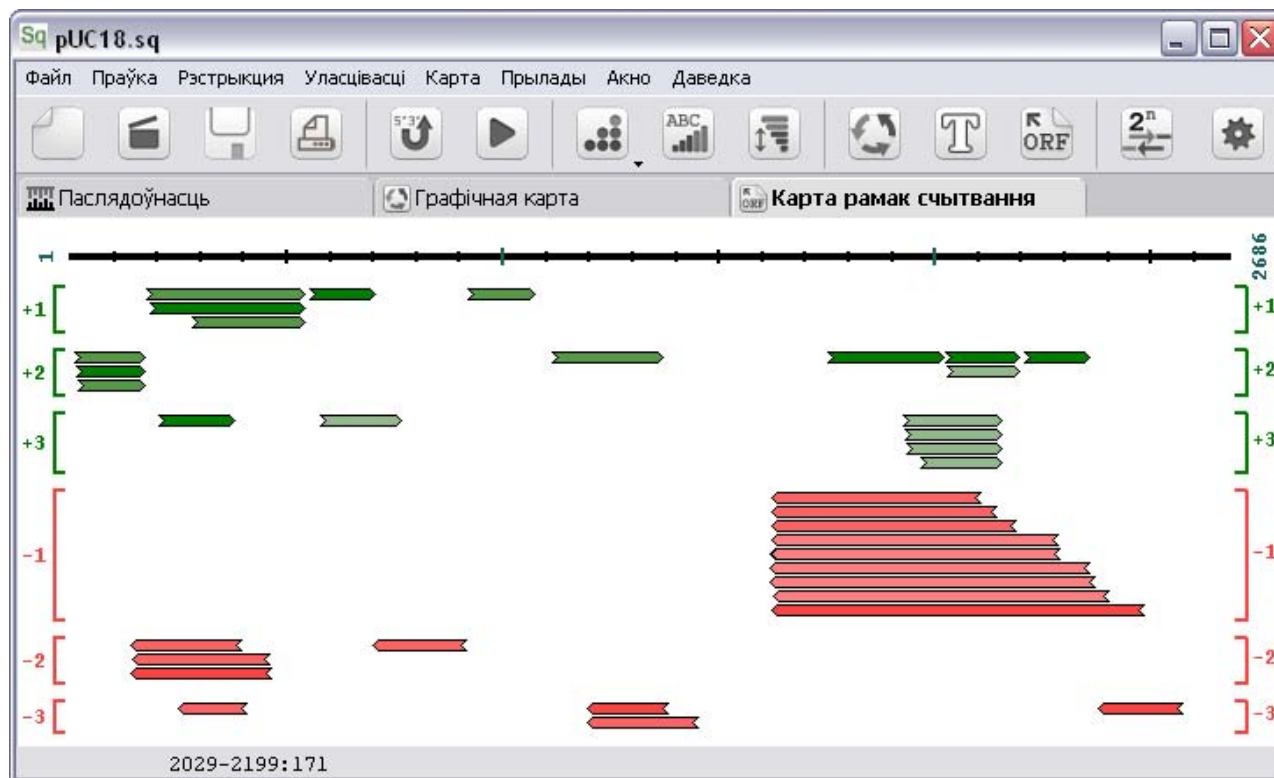
Меню «Аннотация» позволяет также спрятать визуальное отображение на графической карте функционального участка последовательности или полностью удалить соответствующий элемент аннотации, а последняя команда из этого же меню выведет отдельную вкладку с полным списком аннотированных элементов. На этой вкладке снятие или установка флажка на строке элемента аннотации соответственно спрячет или отобразит его на графической карте, а двойной щелчок по строке выведет окно редактирования свойств элемента.

С программой распространятся набор наиболее часто используемых при молекулярном клонировании аннотированных векторных последовательностей в формате SQ.

Трансляция и поиск открытых рамок считывания

Формат GenBank позволяет указывать генетический код, который следует использовать при трансляции находящейся в этой базе данных определенной последовательности, однако это можно сделать не в свойствах элементов аннотации последовательности, а только в квалификаторе элемента CDS (кодирующая последовательность), из-за чего эта возможность используется далеко не всегда. Для файлов в формате SQ (и импортированных файлов GenBank) можно указать соответствующий им генетический код при помощи кнопки «Настройки» панели инструментов. В открывающемся окне «Свойства последовательности» кроме типа генетического кода можно указать возможность использования альтернативных старт-кодонов, а также минимальный размер рамок считывания для функции «Карта рамок считывания». Установленный через эти опции тип генетического кода сохраняется вместе с файлом, но параметры рамок записываются в файл SQ.ini и будут использоваться по умолчанию в дальнейшем. По умолчанию для всех новых последовательностей устанавливается бактериальный код (№11), а не стандартный (№1), разница между которыми – только в используемых альтернативных старт-кодонах.

Трансляцию нуклеотидной последовательности в программе SQ можно осуществить двумя способами. Функция «Транслировать» из меню «Сервис» осуществит полную трансляцию выделенной части или всей (при отсутствии выделения) последовательности, не обращая внимания на правильность выбранной рамки считывания, расположение старт- и стоп-кодонов, и представит результат в новой текстовой вкладке «Трансляция». Функция «Карта рамок считывания» из меню «Карта» графически отобразит все возможные рамки считывания размером более минимального (с использованием только AUG или всех возможных старт-кодонов) как на прямой, так и на обратной цепи (рисунок 3). Для большей наглядности рамки считывания на разных цепях отображаются разным цветом, а интенсивность окраски соответствует эффективности старт-кодона. Графическое представление всех возможных рамок считывания дает хорошее представление о расположении кодирующих последовательностей и может быть использовано для облегчения их аннотации. Щелчок левой кнопкой мыши по рамке считывания выделяет ее последовательность на активной вкладке, а также вкладках «Последовательность» и «Графическая карта», что позволяет легко проверить наличие рибосомсвязывающего сайта, а также добавить аннотацию новой кодирующей последовательности. Белковую последовательность выделенной рамки считывания легко получить, применив функцию «Транслировать» из меню «Сервис».



Белорусская версия интерфейса с альтернативным набором значков
Рисунок 3 – Карта рамок считывания в программе SQ

Рестрикционный анализ

Связанные с рестрикцией функции доступны через многие элементы интерфейса программы: через панель инструментов, стандартное меню, контекстные меню основного окна и вспомогательного окна «Ферменты». Последнее окно содержит список доступных ферментов, представляющий собой выборку (обычно ферменты, имеющиеся в наличии в лаборатории) из рестрикционных эндонуклеаз, описанных в базе данных REBASE [2]. Меню «Рестрикция» позволяет редактировать этот список, а также создавать/редактировать наборы ферментов.

Все виды рестрикционного анализа, доступные в SQ, проводятся только с эндонуклеазами, чьи названия выделены в окне «Ферменты». Выделить названия ферментов в этом окне можно по одному, применив встроенный фильтр (например, рестриктазы, образующие «тупые» концы) или выбрав ранее сохраненный набор ферментов. Возможен последовательный выбор ферментов. Например, можно сначала выбрать ферменты, распознающие 6 н.п., а затем те из них, которые имеют только один сайт. Во всех случаях если какие-то ферменты в списке уже выделены, все последующие фильтры применяются уже к ним. Полезной функцией является выбор рестрикционных эндонуклеаз с совместимыми концами.

Позиции сайтов для выбранных ферментов можно просмотреть в текстовой форме (функции «Сайты по именам» и «Сайты по координатам») или в виде интерактивной графической карты.

Графическая карта предоставляет некоторые дополнительные возможности по сравнению с простым рестрикционным анализом. Щелчок по любому объекту на графической карте выделяет его последовательность на связанных вкладках («Последовательность» и «Карта рамок считывания»). Двойной щелчок по названию фермента открывает окно с информацией о нем из REBASE (последовательность распознаваемого сайта и позиции разрезов, известные изоизомеры, список фирм-

производителей). Двойной щелчок по другим объектам (отображающим свойства последовательности) откроет окно для их редактирования. Любые текстовые объекты на карте можно перетащить мышкой. Все внесенные пользователем изменения сохраняются в файле SQ. Карту можно сохранить в виде рисунка, распечатать, а также перенести в документ любого другого приложения через буфер обмена.

Еще одним способом представления позиций рестрикционных сайтов, а также других свойств последовательности ДНК, является текстовая карта (функция доступна через меню «Карта»), на которой позиции рестрикционных сайтов отображаются параллельно с последовательностью нуклеотидов (рисунок 4). Настройки вида текстовой карты (доступные через кнопку настроек на панели инструментов) позволяют показывать также аминокислотные последовательности, которые могут быть транслированы во всех шести возможных рамках считывания. Одновременное отображение нуклеотидной и аминокислотной последовательностей совместно с позициями рестрикционных сайтов делает текстовые карты удобным инструментом при планировании клонирования гена в векторе экспрессии.

```

                                     BamHI
                                     |Sau3AI
                                     ||  AvaI
                                     ||  SmaI
                                     ||  |MspI
HindIII                               HindII  ||  ||  KpnI  Ecl136II
|      SphI  PstI  SalI  XbaI  ||  ||  |Csp6I|      EcoRI
|      |      |      |      |      ||  ||  ||      |      |
CCAAGCTTGCATGCCTGCAGGTCGACTCTAGAGGATCCCCGGGTACCGAGCTCG 450
...|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|
P  S  L  H  A  C  R  S  T  L  E  D  P  R  V  P  S  S  +1
Q  A  C  M  P  A  G  R  L  *  R  I  P  G  Y  R  A  R  +2
A  K  L  A  C  L  Q  V  D  S  R  G  S  P  G  T  E  L  +3

```

Показана область полилинкера плазмиды pUC18
Рисунок 4 – Фрагмент текстовой карты в программе SQ

Виртуальное клонирование

Графическая карта позволяет выделить фрагмент последовательности, щелкнув сначала название одного фермента, а затем, нажав клавишу «Shift», – второго. При копировании выбранного таким образом фрагмента сохраняется не только его последовательность, но и информация об использованных для его «вырезания» рестриктазах. Скопированный фрагмент может быть вставлен в другую молекулу ДНК, имеющую сайты для рестриктаз с совместимыми концами (нужные сайты должны быть предварительно выделены). При этом фрагмент будет автоматически вставлен в другую молекулу в правильной ориентации (инвертирован при необходимости).

Таким образом, виртуальное клонирование позволяет моделировать реальные эксперименты по молекулярному клонированию. Последовательности рекомбинантных плазмид, которые можно создать с помощью этой методики, облегчают документацию экспериментов по молекулярному клонированию, а также помогают оценить размеры фрагментов рестрикции (соответствующая функция доступна из меню «Рестрикция»), ожидаемых при проверке рекомбинантных клонов.

Проверка праймеров

Функция «Проверка праймеров», доступная из меню «Сервис», визуальнo демонстрирует положение праймеров в нуклеотидной последовательности, а также размеры

и позиции возможных амплифицируемых с их помощью фрагментов ДНК. Перед использованием этой функции соответствующий файл с последовательностями праймеров должен быть открыт (или создан), а в нем должны быть отмечены желаемые праймеры. В окне «Результат ПЦР» можно указать температуру отжига праймеров (с помощью ползунка в нижней части окна), а щелчок по позициям праймеров покажет степень совпадения их последовательностей с матричной. В ее нынешней реализации описываемая функция не предназначена для полноценной симуляции ПЦР, а является простым вспомогательным инструментом при планировании молекулярного клонирования. Щелчок по объекту на карте амплификации, отображающему нужный ампликон, откроет его полную (включая праймеры) последовательность в новом окне. Полученную таким образом последовательность продукта ПЦР можно использовать в качестве исходной в описанной выше процедуре виртуального клонирования.

Интернет-ресурс программы SQ

Разработка качественного программного обеспечения невозможна без обратной связи с конечным пользователем, который и позволяет выяснять истинные требования к программному продукту. Обратная связь позволяет также объективно оценить состояние проекта, находить противоречия в требованиях, проектах и реализациях, а также планировать дальнейшее развитие программы. Использование сети Интернет позволяет наладить адресную и быструю связь с конечным пользователем.

Так, на официальном сайте SQ организована система онлайн-запросов, есть раздел «Часто задаваемых вопросов», добавлена возможность комментирования каждого выпуска программы, а о наличии обновлений можно узнать либо из новостного канала RSS, либо добавив свой электронный адрес в автоматическую систему рассылки новостей. Также обсуждать развитие программы SQ можно на страницах специализированного форума [10].

Сайт SQ также позволяет загрузить последние (а в случае необходимости, и предыдущие) версии программы. Здесь также доступны для загрузки дополнительные файлы – доступная документация к программе, утилита для создания наборов значков, имеющиеся в настоящий момент наборы значков и файлы стандартных векторов в формате SQ.

Выводы

Программа SQ, описанная в настоящей работе, является сегодня, по нашим сведениям, единственной предназначенной для анализа нуклеотидных последовательностей и симуляции молекулярного клонирования программой с русскоязычными (а также белорусскоязычными) интерфейсом и документацией. Несмотря на то, что программа SQ уступает по своим функциональным возможностям аналогичным коммерческим продуктам, по нашему мнению она превосходит большинство из них по удобству пользования (и, естественно, цене).

Мы надеемся, что перевод интерфейса SQ на русский и белорусский языки, а также наличие подробной документации к программе на этих языках (находящейся в настоящий момент в стадии разработки), сможет существенно повысить эффективность работы отечественных молекулярных биологов. Кроме того, графическое представление структур векторов, визуализация ПЦР и основных стадий молекулярного клонирования позволяют использовать SQ в качестве наглядного пособия при обучении студентов-биологов. Внедрение программы SQ в учебный процесс на биологическом факультете БГУ, происходящее в настоящий момент, позволит значительно улучшить уровень подготовки специалистов в области молекулярной биологии и биотехнологии.

Дальнейшее развитие программы SQ будет во многом зависеть от замечаний и пожеланий пользователей программы, которых мы приглашаем к ее обсуждению через сайт SQ [5] и раздел форума биологического факультета БГУ.

Благодарности

В программе использованы фрагменты кода LogicalVue Software (класс «UltraToolbar»), A. Ballman (классы «Windows Functionality Suite») и F. Condello (подключаемый модуль «PNG utilities»), частично использованы значки из Tango Desktop

Project. Перевод текстовых элементов интерфейса на белорусский язык выполнен А.Г. Птушкіным при участии О. Азаровского.

Мы выражаем также благодарность А. Голику за предоставление компьютера с Mac OS, что позволило обеспечить совместимость кода SQ с этой операционной системой, а также компании «Праймтех» за помощь в отладке программы.

Список литературы

1. Rice, P. EMBOSS: the European Molecular Biology Open Software Suite / P. Rice, I. Longden, A. Bleasby // Trends Genet. – 2000. – Vol. 16, № 6. – P. 276–277.
2. REBASE – a database for DNA restriction and modification: enzymes, genes and genomes / R.J. Roberts [et al.] // Nucleic Acids Res. – 2010. – Vol. 38, № Database issue. – P. D234–236.
3. Genetic Sequence Data Bank. NCBI-GenBank Flat File Release 180.0 [Электронный ресурс]. 2010. URL: <ftp://ftp.ncbi.nih.gov/genbank/gbrel.txt>. – Дата доступа: 05.11.2010.
4. Elzanowski A., Ostell J. The Genetic Codes [Электронный ресурс]. 2010. URL: <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/Taxonomy/Utils/wprintgc.cgi?mode=c>. – Дата доступа: 05.11.2010.
5. SQ: редактор биологических последовательностей для молекулярных биологов [Electronic resource]. URL: <http://www.bio.bsu.by/sq/about.html>. – Дата доступа: 05.11.2010.
6. Николайчик Е. Менеджер наборов икон для программы SQ [Электронный ресурс] // Менеджер наборов икон для программы SQ. URL: http://www.bio.bsu.by/sq/iset_man.html. – Дата доступа: 11.11.2010.
7. FASTA format description [Электронный ресурс]. URL: <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/BLAST/fasta.shtml>. – Дата доступа: 07.11.2010.
8. Cornish-Bowden A. Nomenclature for incompletely specified bases in nucleic acid sequences: recommendations / A. Cornish-Bowden // Nucleic Acids Research. – 1985. – Vol. 13, № 9. – P. 3021.
9. Whole-genome expression profiling defines the HrpL regulon of *Pseudomonas syringae* pv. tomato DC3000, allows de novo reconstruction of the Hrp cis element, and identifies novel coregulated genes / A. Ferreira [et al.] // Mol. Plant Microbe Interact. – 2006. – Vol. 19, № 1. – P. 1167–1179.
10. Программа SQ: обсуждение [Электронный ресурс]. URL: <http://biobsu.org/freak/viewtopic.php?p=9472>. – Дата доступа: 11.11.2010.

SQ – A COMPUTER PROGRAM FOR EDITING AND ANALYSIS OF BIOLOGICAL SEQUENCES

Y.A. Nikolaychik, L.N. Valentovich.
Belarusian State University, Minsk, Belarus

SQ is a freeware program with the interface in Russian, Belarusian and English, designed for viewing and editing of sequences of biological macromolecules of interest to the researcher. Available functions include identification (and annotation) of functional areas, restriction analysis, selection of primers for PCR and planning of molecular-biological experiments *in silico*. The program also allows displaying graphical vectors maps with functional annotation and restriction site positions and to visualize annealing of PCR. SQ was developed with REAL Studio and implemented for Microsoft Windows.