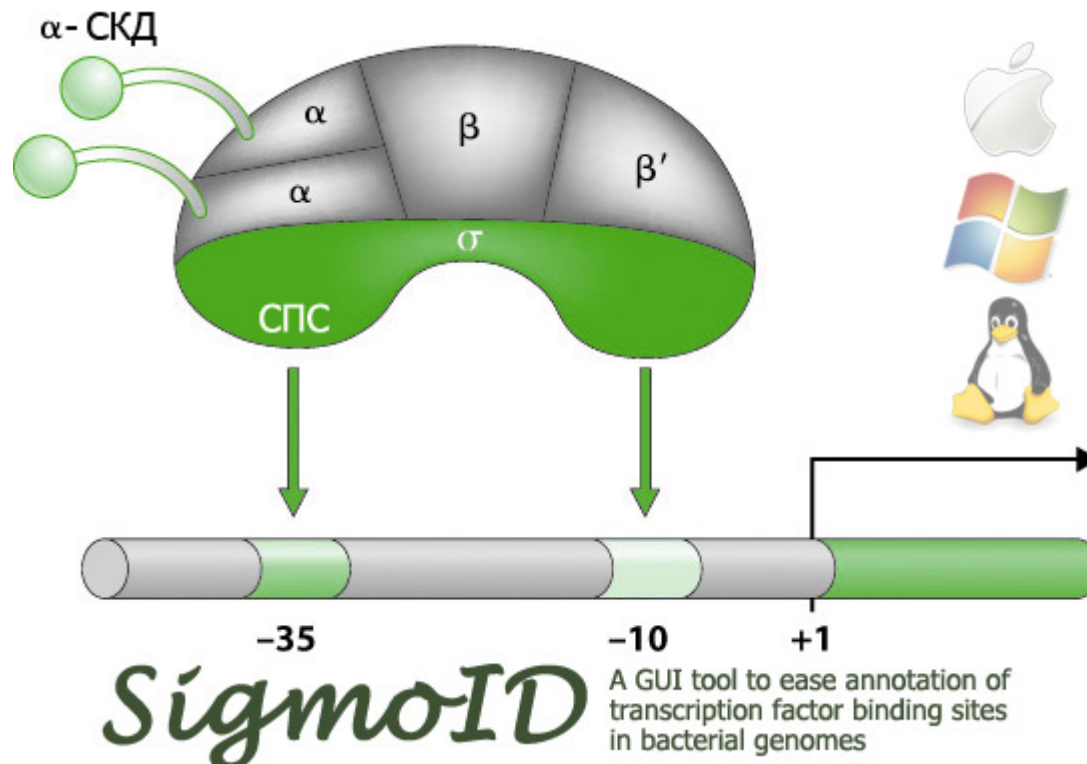


Программа Sigmoid - Кафедра молекулярной биологии  
Биологического факультета БГУ.

Программа Sigmoid



Программа Sigmoid на [GitHub](#)

Программа Sigmoid предназначена для поиска регуляторных последовательностей (промоторов, сайтов связывания транскрипционных факторов, Rho-независимых терминаторов) в бактериальных геномах и редактирования аннотации геномных последовательностей с учетом регуляторной информации.

Внешний интерфейс Sigmoid – это GUI-приложение, созданное в среде разработки [Xojo](#), что дает ему стандартный внешний вид во всех трёх поддерживаемых операционных системах (OS X, Linux и Windows). GUI создаёт оболочку для использования некоторых программ из пакетов [HMMER](#), [MEME Suite](#) и [TransTerm HP](#), которые непосредственно отвечают за поиск. Обработка результатов nhmmer, mast и TransTerm HP, преобразование форматов последовательностей и добавление регуляторных сайтов к аннотации геномов реализованы как отдельные скрипты на языке Python. Эти скрипты вызываются из GUI, однако могут быть легко использованы и отдельно, а также, по желанию, их можно интегрировать в конвейер аннотации. Подробная информация по установке предоставляется с дистрибутивами для каждой платформы. [Исходный код](#) всего приложения Sigmoid доступен по лицензии GPL 2.0.

Sigmoid позволяет:

- находить данные о сайтах связывания транскрипционных регуляторов в специализированных базах данных ([RegPrecise](#) и [RegulonDB](#));
- визуализировать выровненные сайты связывания в виде лого последовательности;
- расширять и сокращать границы выравниваний, а также маскировать их малоконсервативные участки;
- создавать оптимизированные html-профили на основе выравниваний последовательностей промоторов/сайтов связывания;
- искать промоторы/сайты связывания в бактериальных геномах с помощью откалиброванных (или не

- откалиброванных) hmm-профилей;
- добавлять аннотацию промоторов и сайтов связывания транскрипционных факторов в геномные файлы в формате GenBank;
- просматривать и редактировать аннотацию генома с помощью интегрированного геномного браузера,
- просматривать данные RNA-seq покрытия (и любые другие "привязанные" к координатам цифровые данные) в геномном браузере.

## [Скачать последнюю версию программы "Sigmoid"](#)

Эта версия Sigmoid включает два набора откалиброванных профилей для сайтов связывания транскрипционных факторов и промоторов, распознаваемых альтернативными сигма-факторами. Наборы оптимизированы для

- 1) пектолитических энтеробактериальных фитопатогенов из родов *Pectobacterium* и *Dickeya* и
- 2) представителей рода *Pseudomonas*.

Эффективность этих профилей для других бактерий будет ниже, однако при корректировке настроек они могут быть использованы для родственных бактерий. Для большинства бактерий из других семейств информация о многих сайтах связывания доступна через интегрированный доступ к RegPrecise.

Nikolaichik Y, Damienikan AU. (2016) Sigmoid: a user-friendly tool for improving bacterial genome annotation through analysis of transcription control signals. *PeerJ* 4:e2056. <https://doi.org/10.7717/peerj.2056>

© 2014-2016 Е.А. Николайчик, А.В. Доменикан

© 2003-2017 Л. Валентович, П. Тумилович

**Наш адрес:** г. Минск, ул. Курчатова, 10, тел/факс. +375 (17) 209-58-08

**Адрес для корреспонденции:** пр. Независимости, 4, БГУ, Биологический факультет, 220030, г. Минск

<http://www.bio.bsu.by>