

**MorphoCatcher: веб-сервис для скрининга ортологичных генов-мишеней, поиска нуклеотидных полиморфизмов и дизайна таксон-специфичных праймеров в методе петлевой изотермической амплификации**

**Научный руководитель – Мирошников Константин Анатольевич**

***Ширшиков Фёдор Владимирович***

*Аспирант*

Институт биоорганической химии им. акад. М.М. Шемякина и Ю.А. Овчинникова РАН,  
Москва, Россия

*E-mail: shrshkv@ya.ru*

Возможности петлевой изотермической амплификации (LAMP; от англ. *loop-mediated isothermal amplification*) в молекулярной диагностике патогенов позволяют рассматривать этот метод в качестве перспективной технологии для сельского хозяйства и медицины. Широкий спектр задач этих областей науки требует принципиально нового программного обеспечения, позволяющего использовать для детекции различных патогенов не только уникальные нуклеотидные последовательности генома, но и ортологичные гены, которые отвечают сразу нескольким необходимым для гена-мишени свойствам: консервативность, однокопийность и таксон-специфичность.

Целью настоящей работы стала разработка и экспериментальная апробация алгоритма, позволяющего проводить быстрый визуальный скрининг потенциальных мишеней среди генов-ортологов с помощью математической функции на основе скользящего среднего. Исходными данными для анализа служит плотность локализации таксон-специфичных мутаций на единицу длины нуклеотидной последовательности. Данный алгоритм призван существенно упростить дизайн праймеров для метода LAMP-амплификации, содержащих на своих концах скопления таксон-специфичных мутаций. При этом сам процесс подбора праймеров может быть продолжен с помощью оригинального программного обеспечения PrimerExplorer (Eiken Chemical Co. LTD, Токио, Япония).

Формализация ключевых этапов алгоритма анализа последовательностей ортологичных генов в формате множественного выравнивания и экспериментальная валидация наборов праймеров, полученных с помощью предложенного алгоритма, позволили реализовать его в виде программы на языке Python 3.0.

Программа MorphoCatcher является инструментом высокопроизводительного скрининга генов-мишеней с целью дизайна праймеров с требуемым таксономическим разрешением, под которым, в зависимости от исследовательской задачи, понимается группа штаммов, вид, род и т. д. Исходными данными для работы с программой могут быть специально созданные библиотеки геномных данных, в которых могут быть собраны как отдельные гены, так и полные геномы представляющих интерес биологических таксонов. Выходные файлы с результатами анализа данных сделаны в формате, совместимом с программным обеспечением PrimerExplorer, и не требуют какой-либо модификации пользователем.

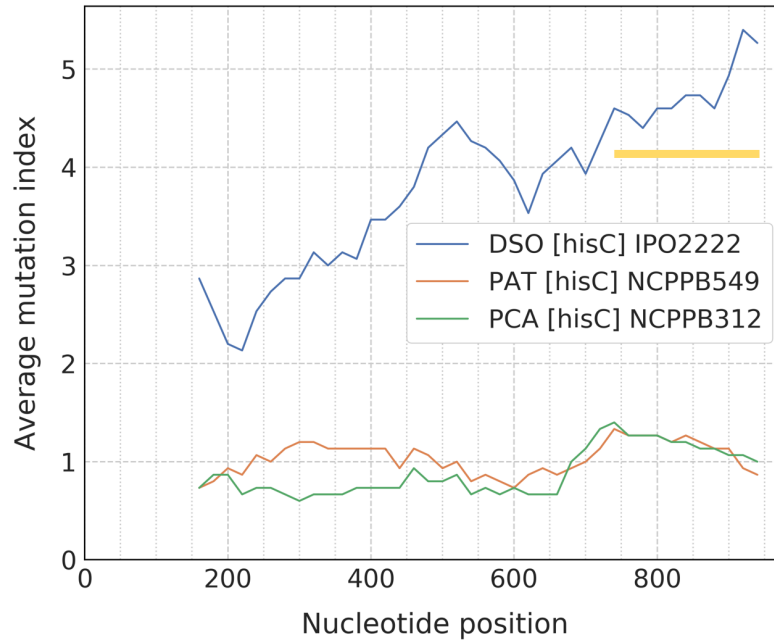
Учитывая потенциальный интерес к возможностям программы среди специалистов без навыков программирования, был разработан веб-интерфейс, позволяющий использовать программу через интернет-браузер. Надеемся, что данный веб-сервис будет полезен всем специалистам из области молекулярной диагностики.

Веб-сервис MorphoCatcher доступен в бесплатном режиме для научно-образовательной, педагогической и некоммерческой деятельности по адресу: <http://morphocatcher.ru>.

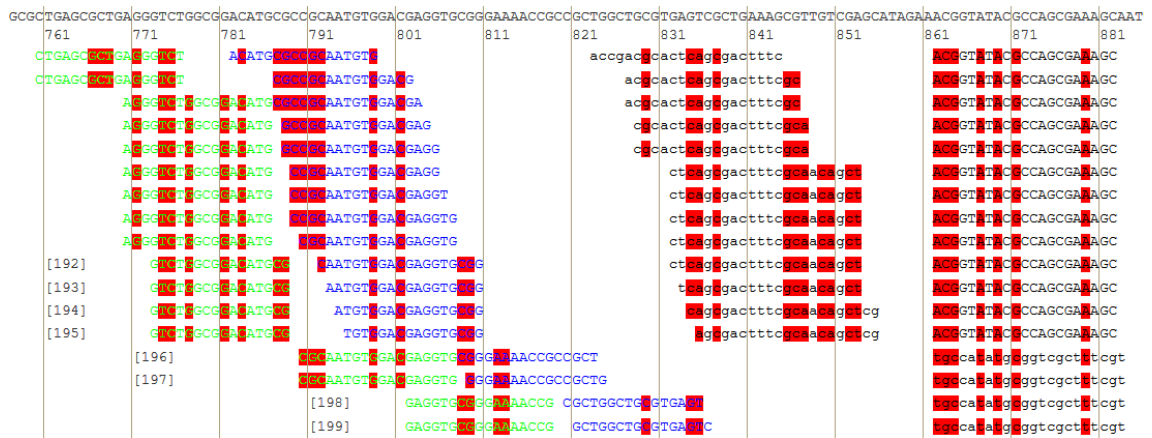
На программное обеспечение MorphoCatcher получено свидетельство о государственной регистрации программы № 2018616252. По всем вопросам коммерческого использования

программы обращаться к правообладателю Ф. В. Ширшикову.

### Иллюстрации



**Рис. 1.** Визуализация плотности локализации видоспецифичных полиморфизмов, выявленных программой MorphoCatcher во множественном выравнивании ортологичных генов. В качестве примера показан профиль локализации полиморфизмов гена *hisC* среди бактерий трёх видов: *Dickeya solani* (DSO), *Pectobacterium atrosepticum* (PAT) и *P. carotovorum* (PCA). Жёлтым цветом выделен наиболее полиморфный участок гена-мишени в DSO.



**Рис. 2.** Расположение праймеров на гене-мишени после применения программы MorphoCatcher. Красным цветом обозначены видоспецифичные нуклеотидные полиморфизмы.