

遺伝子編集ソフトがあなたの手に！  
あなた専用の遺伝子解析環境を、もっと身近に。

The logo for Genequick features the word "Gene" in a purple, rounded font with small colored dots (pink, blue, red, green) at the end of each letter. The "Q" is also purple and has a pink dot above it. The word "quick" is in a black, rounded font with a pink dot above the "i" and a purple dot above the "k".

Genequick

ユーザーマニュアル

Version 1

# 目次

<b>1. はじめに.....</b>	<b>5</b>
1.1 GeneQuick とは.....	5
1.2 主な特徴.....	6
1.3 動作環境.....	6
<b>2. インストールと初期設定 .....</b>	<b>7</b>
2.1 インストール方法.....	7
2.1.1 Mac の場合 .....	7
2.1.2 Windows の場合.....	7
2.2 初回起動.....	7
2.2.1 Mac の場合 .....	7
2.2.2 Windows の場合.....	8
<b>3. ライセンスと利用方法.....</b>	<b>9</b>
3.1 無料トライアルについて.....	9
3.2 ライセンスの購入方法.....	9
3.3 ライセンスのアクティベーション.....	10
3.4 ライセンスの解除・管理.....	10
<b>4. 画面構成.....</b>	<b>11</b>
4.1 メニューバー.....	11
4.1.1 「GeneQuick」メニュー.....	11
4.1.2 「File」メニュー.....	11
4.1.3 「View」メニュー.....	11
4.1.4 「Sequence」メニュー.....	11
4.1.5 「Settings」メニュー.....	12
4.1.6 「Language」メニュー .....	12
4.2 共通の画面ボタン.....	12
4.2.1 画面上部（1 段目） .....	12
4.2.2 画面上部（2 段目） .....	12
<b>5. 基本操作.....</b>	<b>13</b>
5.1 ファイルの開き方.....	13

5.1.1 新規にファイルを作成する場合 .....	13
5.1.2 ファイルを開く場合 .....	13
5.2 ファイルの保存.....	13
5.2.1 GeneQuick フォーマット (.geneq) .....	13
5.2.2 GenBank フォーマット (.gb、.gbk) .....	13
5.2.3 FASTA フォーマット (.fa、.fasta)、Sequence フォーマット (.seq) .....	13
<b>6. Sequence (シークエンス) 画面の操作方法 .....</b>	<b>14</b>
6.1 塩基配列の表示と編集.....	14
6.1.1 塩基のコピー： .....	14
6.1.2 塩基のカット： .....	14
6.1.3 塩基の挿入： .....	15
6.1.4 塩基の削除： .....	15
6.1.5 塩基の置換： .....	15
6.1.6 塩基配列の逆相補： .....	15
6.1.7 編集のやり直し： .....	15
6.1.8 DNA/RNA のモード変更 .....	15
6.1.9 フィーチャー、プライマー、アミノ酸配列の選択.....	16
6.2 フィーチャーの追加、編集.....	16
6.2.1 フィーチャーの追加 .....	16
6.2.2 フィーチャーの編集 .....	16
6.2.3 フィーチャーの削除 .....	17
6.3 プライマーの追加、編集.....	17
6.3.1 プライマーの新規追加.....	17
6.3.2 プライマーの編集.....	17
6.2.3 プライマーの削除.....	17
<b>7. Map (マップ) 画面の操作方法 .....</b>	<b>18</b>
7.1 Map (マップ) の表示.....	18
7.2 Circular (環状)、Linear (線形) の選択.....	18
7.3 配列の選択、解除.....	19
<b>8. Enzyme (酵素) 画面の操作方法.....</b>	<b>20</b>
8.1 Enzyme (酵素) の表示.....	20
8.2 制限酵素の検索と追加.....	20
8.3 制限酵素サイトへのジャンプ.....	21

<b>9. Feature (フィーチャー) 画面の操作方法 .....</b>	<b>22</b>
9.1 Feature (フィーチャー) の表示.....	22
9.2 Feature (フィーチャー) の検索.....	22
9.3 Feature (フィーチャー) の編集、削除.....	22
9.4 Feature (フィーチャー) へのジャンプ.....	23
<b>10. Primer (プライマー) 画面の操作方法 .....</b>	<b>24</b>
10.1 Primer (プライマー) の表示.....	24
10.2 Primer (プライマー) の編集、削除.....	24
<b>11. Primer Designer (プライマーデザイナー) 画面の操作方法 .....</b>	<b>25</b>
11.1 Primer Designer (プライマーデザイナー) の表示.....	25
11.2 Primer Designer (プライマーデザイナー) の使い方.....	25
11.2.1 名前 (Name)、Adaptor、Anneal の記載.....	25
11.2.2 プライマーデザインの便利機能 .....	26
11.2.3 追加、コピー、閉じる .....	26
11.2.4 Close all (すべて閉じる) .....	26
<b>12. Analysis (解析) 画面の操作方法.....</b>	<b>27</b>
12.1 Analysis (解析) 画面の表示.....	27
12.2 配列ファイル (.ab1 ファイルなど) の読み込み.....	27
12.3 配列ファイルのアライメント .....	27
12.4 配列の編集 .....	28
12.4.1 テンプレート配列の編集.....	28
12.4.2 サンガーシーケンス・データの編集 .....	28
12.5 解析の注意点.....	28
<b>13. 印刷.....</b>	<b>29</b>
13.1 印刷の方法.....	29

# 1. はじめに

## 1.1 GeneQuick とは

GeneQuick は、DNA 配列やプラスミドを扱う分子生物学研究のために開発されたデスクトップアプリケーションです。配列の閲覧・編集、プラスミドマップの可視化、制限酵素解析、シーケンスアライメント、クロマトグラム (ABI) 解析、プライマー設計など、研究に必要な機能を一つの環境で統合的に利用することができます。

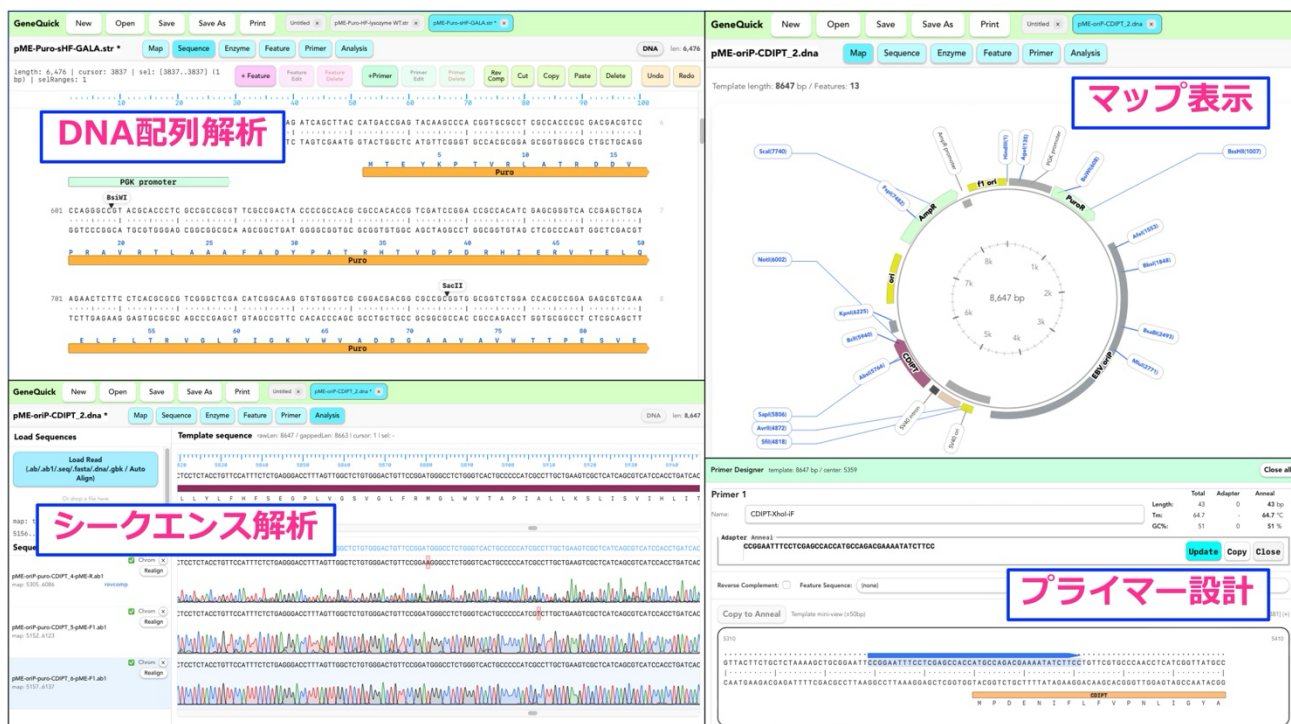


図 1-1 : GeneQuick の概要

.gb、.fasta、.seq、.ape、.dna、.ab1 などの主要なファイル形式に対応しており、既存のデータをそのまま読み込み、解析に活用することが可能です。

本ソフトウェアは、研究室での利用はもちろん、個人の研究者や学生が自身の PC で手軽に使用できる「パーソナルツール」として設計されています。これにより、場所や環境に依存せず、効率的に配列解析や設計作業を進めることができます。

さらに、英語、日本語、中国語（簡体字・繁体字）、韓国語、ドイツ語、フランス語、スペイン語、イタリア語に対応しており、世界中の研究者が利用可能な多言語環境を備えています。

GeneQuick は初回起動から 14 日間、すべての機能を無料で利用できるトライアル期間を提供しています。トライアル終了後はライセンスを購入することで、引き続き無期限で利用することが可能です。

## 1.2 主な特徴

配列編集からシーケンス解析までを一つのソフトで完結

プラスミドマップの直感的な可視化

ABI クロマトグラム的高速・詳細表示

高速アライメントによる配列比較

プライマー設計機能を標準搭載

個人でも利用可能なパーソナル設計

主要ファイル形式に対応した高い互換性

多言語対応によるグローバル利用

14日間無料トライアル+買い切り永久ライセンス

## 1.3 動作環境

GeneQuick は、以下の環境でご利用いただけます。

対応 OS

Mac : Apple Silicon 搭載 Mac (M1 以降)、macOS Sonoma 以降

Windows : Windows 11 以降

※現在の対応 OS バージョンは、今後のアップデートにより変更される場合があります。

推奨環境

メモリ : 8GB 以上

ストレージ : 500MB 以上の空き容量

インターネット接続 : ライセンス認証時に必要 (通常利用はオフラインで OK)

GeneQuick はデスクトップアプリケーションとして設計されており、研究室の共用 PC だけでなく、個人のノート PC 環境でも快適に動作することを想定しています。

## 2. インストールと初期設定

### 2.1 インストール方法

GeneQuick の紹介 Web ページ (<https://gene-quick.com/index.html>) より、お使いの PC 環境に合ったアプリをダウンロードください。

#### 2.1.1 Mac の場合

.dmg ファイルを開き、アプリのアイコンをアプリケーションのフォルダへドラック&ドロップしてください。

#### 2.1.2 Windows の場合

.exe ファイルを開き、画面の表示に従い、インストールを行ってください。

##### 【Windows 版インストールについて】

インストール時に、Microsoft Defender SmartScreen により「Windows によって PC が保護されました」と表示される場合があります。

この表示は、アプリが必ず危険であることを意味するものではなく、Windows 上でまだ十分な利用実績がない新しいアプリに対して表示されることがあります。警告画面が表示された場合は、以下の手順で起動できます。

1. 「詳細情報」をクリックします。
2. 表示された「実行する」をクリックします。
3. その後、画面の案内に従ってインストールを進めてください。

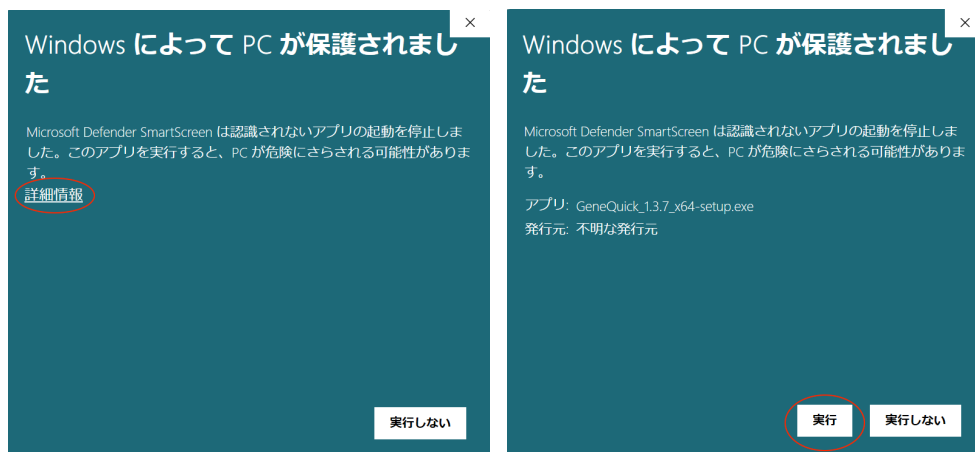


図 2-1 : Windows 版のインストールについて

### 2.2 初回起動

#### 2.2.1 Mac の場合

初回起動のみ、Launchpad などから起動できない場合があります。

その際は、Finder のメニューから、

「移動」 -> 「アプリケーション」を選択いただき、

GeneQuick アプリを選択、

Control + クリック（あるいはマウスで右クリック）から、「開く」を選択してください。



図 2-2：初回の起動方法

アラートが表示される場合がありますが、そのまま「開く」をクリックしてください。

2 回目以降は、Launchpad などからも起動可能です。

### 2.2.2 Windows の場合

インストールしてできた GeneQuick のアイコンをクリックして、開いてください。

### 3. ライセンスと利用方法

#### 3.1 無料トライアルについて

初めてアプリを起動しますと、そこから14日間の無料トライアルが開始されます。

なお、無料トライアル中のご利用には、インターネットへの接続が必要です（ライセンス購入後は、オフラインでご利用いただけます）。

14日後は、アプリの利用が制限されますので、お早めのライセンス購入をお勧めします。



図 3-1：無料トライアル中の画面

#### 3.2 ライセンスの購入方法

アプリ右下に表示されている「Buy」ボタンをクリック、あるいは、GeneQuick 紹介 Web ページにあります購入サイト (<https://gene-quick.com/index.html>) より、ご所属、お名前、メールアドレスなど必要事項の記入、決済いただくことで、購入いただけます。

購入後、登録のメールアドレスに、ライセンス番号が送信されます。

### 3.3 ライセンスのアクティベーション

画面右下にある「Activate」ボタン、あるいは、メニューバーの「Settings」から、「Activate,,,」をクリックしてください。

メールアドレスおよび、購入後に受信したメールに記載されたライセンス番号を入力し、「Activate」ボタンをクリックしてください。正常にアクティベーションした場合、右下に表示されている無料トライアルの表示が消え、正規版としてご利用いただけます。

図 3-2 : アクティベーション画面

### 3.4 ライセンスの解除・管理

通常ライセンスは PC 2 台まで、学生ライセンスは PC 1 台まで GeneQuick アプリをお使いいただけます。制限台数以上のご使用はできません。

別の PC にライセンスを移動させたい時は、現在ご利用の PC から GeneQuick ライセンスのアクティベーションを解除いただく必要があります。

アクティベーション解除を行うには、メニューバーの「Settings」から、「Deactivation (This PC)」をクリックしてください。

確認画面が出ますので、「OK」をクリックしてください。

PC の故障等で、古い PC 上でアクティベーションを解除できない場合は、ご所属、お名前、メールアドレスをお知らせいただき、当社までお問合せください。

## 4. 画面構成

### 4.1 メニューバー

GeneQuick のメニューバーは、「GeneQuick」、「File」、「View」、「Sequence」、「Settings」、「Language」から構成されています。

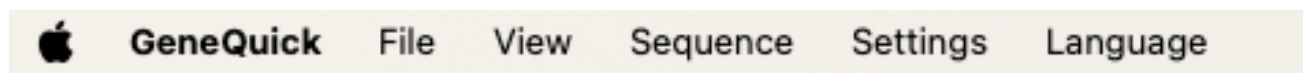


図 4-1 : メニューバー

#### 4.1.1 「GeneQuick」メニュー

GeneQuick : アプリケーションのバージョン情報が確認できます。

Hide GeneQuick : GeneQuick のウィンドウを非表示にします。

Hide Others : GeneQuick 以外のすべての起動中アプリケーションを非表示にします。

Show all : 非表示になっているすべての起動中アプリケーションを再表示します。

Quit GeneQuick : GeneQuick アプリを終了します。

#### 4.1.2 「File」メニュー

New : 新しいファイルを作成します。

Open : 既存ファイルを開きます。

Save : ファイルを保存します。

Save as : ファイル形式、名前を設定して保存します。

Print,,, : ファイルをプリントします。

Export : ファイルを Genbank (.gb)、FASTA (.fa)、Sequence (.seq)形式で書き出します。

#### 4.1.3 「View」メニュー

Map : 配列のマップを表示します。

Sequence : 塩基配列を表示します。

Show Features : フィーチャーの一覧を表示します。

Show Primers : プライマーの一覧を表示します。

Show Enzymes : 制限酵素の一覧を表示します。

Enter Full Screen : 画面表示をフルスクリーン表示にします。キーボードの Esc で元に戻ります。

#### 4.1.4 「Sequence」メニュー

Show Sequence : シークエンス画面へ移動します。

Show Alignment : 解析画面へ移動します。

Find,,, : 画面下に検索窓が表示されます。

Go to Position,,, : シークエンス画面上のカーソル位置へ移動します。

Go to Top : シークエンス画面の最初に移動します。

#### 4.1.5 「Settings」メニュー

Activate,,, : ライセンスのアクティベーションを行います。(3.3 を参照)

Deactivate : ライセンスのアクティベーションを解除します。(3.4 を参照)

#### 4.1.6 「Language」メニュー

英語、日本語、中文（簡体）、中文（繁体）、韓国語、ドイツ語、フランス語、スペイン語、イタリア語から言語を選択してください。

## 4.2 共通の画面ボタン

### 4.2.1 画面上部（1 段目）

画面上部の1 段目には、New（新規）、Open（開く）、Save（保存）、Save As（別名で保存）、Print（印刷）のボタンがあります。

また開いたファイルはこの段に、並んでいきます。

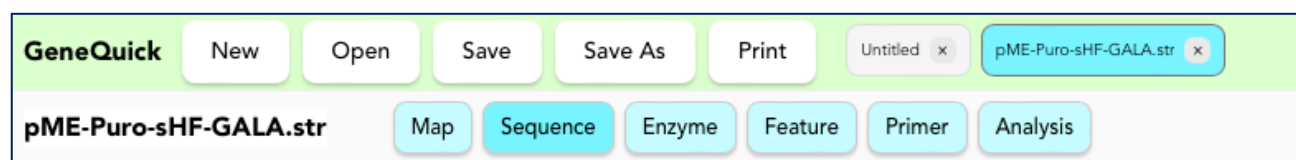


図 4-2 : 共通の画面ボタン

### 4.2.2 画面上部（2 段目）

画面上部の2 段目には、Map（マップ）、Sequence（シークエンス）、Enzyme（酵素）、Feature（フィーチャー）、Primer（プライマー）、Analysis（解析）のボタンがあります。

左側には、ファイルの名前が表示されます。

右側の「DNA」ボタンをクリックすると、DNA/RNA の切り替えを行うことができます。

## 5. 基本操作

### 5.1 ファイルの開き方

#### 5.1.1 新規にファイルを作成する場合

メニューバーの「File」から「New」を選択、あるいは画面上部の「New (新規)」ボタンをクリックして、新規ファイルを開きます。

#### 5.1.2 ファイルを開く場合

メニューバーの「File」から「Open,,,」を選択、あるいは画面上部の「Open (開く)」ボタンをクリックしてください。その後、開きたいファイルのあるフォルダへ移動し、ファイルを選択してください。 .geneq ファイルに加え、 .gb、 .fasta、 .seq、 .dna、 .ab1 ファイルに対応しています。

あるいは、ファイルをドラック&ドロップによって、開くことも可能です。ファイルを GeneQuick の画面までドラックすると、「ファイルをドロップして開く (Drop a file to open)」と表示されるので、その表示の上で、ドロップします。

### 5.2 ファイルの保存

メニューバーの「File」から「Save」を選択、あるいは画面上部の「Save (保存)」「Save As (別名で保存)」ボタンをクリックしてください。

#### 5.2.1 GeneQuick フォーマット (.geneq)

ファイルの保存形式は、GeneQuick の正規フォーマット (.geneq) の選択をお勧めします。次回以降、「Save」で、そのまま書き保存されます。フィーチャーやプライマー情報に加え、解析に使用したサンガーシーケンス・データ等とのアライメントも含めて、保存可能です。

それ以外では、Genbank (.gb、 .gbk) 形式、あるいは FASTA (.fasta、 .fa)、Sequence (.seq) 形式での保存が可能です。

#### 5.2.2 GenBank フォーマット (.gb、 .gbk)

GenBank 形式では、フィーチャーやプライマー情報は保存されますが、サンガーシーケンス・データ等とのアライメントは保存されません。ApE や SnapGene など、他のソフトで開きたい場合は、GenBank 形式で保存してください。

#### 5.2.3 FASTA フォーマット (.fa、 .fasta)、Sequence フォーマット (.seq)

FASTA (.fa、 .fasta)、Sequence (.seq) 形式では、フィーチャーやプライマー情報は保存されず、塩基配列のみの保存になります。

## 6. Sequence (シーケンス) 画面の操作方法

Sequence (シーケンス) 画面では、塩基配列の表示、編集に加え、フィーチャーの追加や編集、プライマーの作成や編集を行うことができます。ただし、.ab1 ファイルはシーケンス画面では、編集を行うことができません (.ab1 ファイルの編集は「[12. Analysis \(解析\) 画面の操作方法](#)」を参照ください)。



図 6-1 : Sequence 画面

### 6.1 塩基配列の表示と編集

ファイルを開くと、「Sequence (シーケンス)」画面に、塩基配列が表示されます。配列を編集したい場合は、カーソルを目的の位置まで移動させてください。複数塩基を選択する場合は、カーソル位置でマウスの右クリックを押したまま塩基配列を選択します。あるいは、Shift キーを押したまま、キーボードの矢印キーを押しても複数塩基を選択することが可能です。

#### 6.1.1 塩基のコピー：

塩基配列を選択し、コピー (command+C) あるいは、画面上3段目の「Copy」ボタンをクリックしてください。

#### 6.1.2 塩基のカット：

塩基配列を選択し、カット (command+X) あるいは、画面上3段目の「Cut」ボタンをクリックして

ください。

### 6.1.3 塩基の挿入：

カーソルの位置で、AGCT(U)を入力してください。塩基配列をコピーしている場合は、カーソルの位置で、ペースト (command+V) あるいは、画面上3段目の「Paste」ボタンをクリックしてください。

### 6.1.4 塩基の削除：

カーソルの位置で、キーボードの Backspace キーを押すと、カーソル前の1塩基が削除されます。カーソルの位置で、キーボードの Delete キーを押すと、カーソル後の1塩基が削除されます。

複数の塩基を一度に削除したい場合は、カーソル位置でマウスの右クリックを押したまま塩基配列を選択し、Backspace キーあるいは Delete キーを押してください。塩基配列の選択は、Shift キーを押したまま、キーボードの矢印キーを押しても選択することが可能です。

画面上3段目の「Delete」ボタンをクリックすることでも、塩基を削除できます。

### 6.1.5 塩基の置換：

置換したい部分の塩基配列を選択し、あらかじめコピーした塩基配列をペースト (command+V) してください。

### 6.1.6 塩基配列の逆相補：

塩基配列を逆相補 (Reverse complement) にしたい場合は、変更したい塩基配列を選択後、画面上3段目の「RevComp」ボタンをクリックしてください。

塩基配列を選択しない場合は、ファイル全体が逆相補配列に変更されます。

### 6.1.7 編集のやり直し：

編集した塩基を元に戻したい場合、画面上3段目の「Undo」ボタンをクリックしてください。やり直す場合は、画面上3段目の「Redo」ボタンをクリックしてください。ただし、Undo, Redo には制限がありますので、こまめに配列の保存をお勧めします。

### 6.1.8 DNA/RNA のモード変更

DNA 配列がデフォルトの設定となっていますが、配列が RNA の場合、あるいは、DNA 配列を RNA 配列に変更したい場合は、画面上部の2段目右側にある「DNA」をクリックしてください。表示が「RNA」に変更となり、RNA モードになります。もう一度、「RNA」をクリックしていただくことで、「DNA」モードに戻ります。

### 6.1.9 フィーチャー、プライマー、アミノ酸配列の選択

フィーチャーやプライマーの帯をクリックすると、塩基配列が選択されますので、コピーやカット、削除が可能です。

また、CDS 上のアミノ酸残基を選択し、マウスで右クリックすると、「選択領域のアミノ酸配列をコピー (Copy amino acid sequence for selection)」、「CDS 全体のアミノ酸配列をコピー (Copy amino acid sequence for entire CDS)」と表示されます。選択すると、アミノ酸配列がコピーされます。

## 6.2 フィーチャーの追加、編集

塩基配列上に、フィーチャーを表示することが可能です。GenBank や Addgene など、既にフィーチャー領域が指定されたファイルについては、ファイルを開くと自動的にフィーチャーも表示されるようになっております。

### 6.2.1 フィーチャーの追加

フィーチャーを追加したい塩基配列領域を選択してください。配列を選択した状態で、画面上部 3 段目にある「+ Feature」ボタンをクリックすると、「フィーチャーを追加 (Add Feature)」画面が立ち上がります。

**フィーチャー名 (Feature name) :** フィーチャーの名前を入力してください。

**タイプ (Type) :** CDS、gene、promoter など、タイプを選択してください。CDS を選択した場合は、塩基配列上に翻訳されたアミノ酸配列が表示されます。

**位置 (Start) と終点 (End) :** 選択した塩基配列の始点と終点が記載されています。変更する場合は、フィーチャーの開始位置、終了位置を指定してください。

**色 (Color) :** フィーチャーのラベルカラーを指定してください。デフォルトでは、それぞれのタイプに合わせて色が指定されています。

**Note :** メモがあれば、記載してください。

入力後、「OK」ボタンを押すことで、フィーチャーが登録されます。

「キャンセル」「X」ボタンを押すと、登録されずに「フィーチャーを追加」画面が終了します。

### 6.2.2 フィーチャーの編集

フィーチャーを編集するには、フィーチャーの帯をクリックしてください。その状態で、マウスを右クリックすると、「Feature を編集 (Edit Feature)」が表示されるので、選択してください。あるいは、画面上部 3 段目にある「Feature Edit」ボタンを押すことでも編集画面が表示されます。

「フィーチャーを編集 (Edit Feature)」画面で、変更を行い、「OK」ボタンを押してください。

### 6.2.3 フィーチャーの削除

フィーチャーを削除するには、フィーチャーの帯をクリックし、マウスを右クリックすると、「Feature を削除 (Delete Feature)」が表示されます。選択後、確認画面が表示されるので、「Delete」をクリックしてください。

あるいは、フィーチャーの帯を選択後、画面上部3段目にある「Feature Delete」ボタンを押すことでも削除が可能です。

## 6.3 プライマーの追加、編集

塩基配列上に、プライマーを表示することが可能です。

### 6.3.1 プライマーの新規追加

プライマーを設計したい領域を選択し、画面上部3段目にある「+ Primer」ボタンを押してください。「プライマーデザイナー (Primer Designer)」が立ち上がります。

プライマーデザイナーの使い方は、「[11. Primer Designer \(プライマーデザイナー\) 画面の操作方法](#)」をご覧ください。

### 6.3.2 プライマーの編集

プライマーを編集するには、プライマーの帯をクリックしてください。その状態で、マウスを右クリックすると、「Primer を編集 (Edit Primer)」が表示されるので、選択してください。あるいは、画面上部3段目にある「Primer Edit」ボタンを押すことでも編集画面が表示されます。

「プライマーデザイナー (Primer Designer)」画面で、変更を行い、「更新 (Update)」ボタンを押してください。

### 6.2.3 プライマーの削除

プライマーを削除するには、プライマーの帯をクリックし、マウスを右クリックすると、「Primer を削除 (Delete Primer)」が表示されます。選択後、確認画面が表示されるので、「Delete」をクリックしてください。

あるいは、プライマーの帯を選択後、画面上部3段目にある「Primer Delete」ボタンを押すことでも削除が可能です。



### 7.3 配列の選択、解除

マップ上の特定の場所を選択することが可能です。フィーチャーの帯をクリックすると、画面左上に sel（選択位置、長さ）および Selected（選択されたフィーチャー名）が表示されます。フィーチャーの帯をダブルクリックすると、Sequence（シークエンス）画面に移動し、選択したフィーチャーの塩基配列へジャンプします。

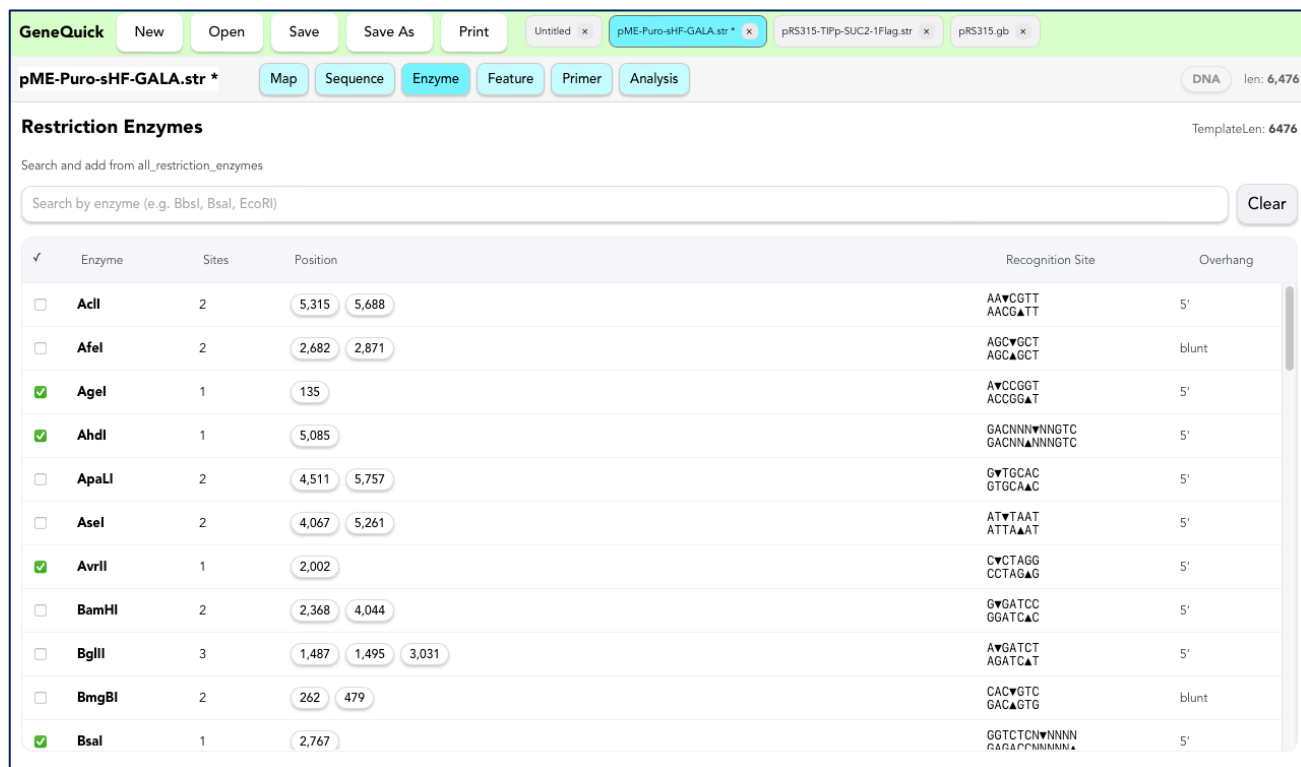
マップ上の制限酵素サイトをダブルクリックすることでも、Sequence（シークエンス）画面に移動し、選択した制限酵素サイトの塩基配列へジャンプします。

また制限酵素サイトをシングルクリックした状態で、キーボードの Shift を押しながら別の制限酵素サイトをクリックするとその間の配列が選択されます（黄色の帯で表示）。選択された黄色の帯をダブルクリックすると、Sequence（シークエンス）画面の選択領域へジャンプします。

選択領域の解除は、左下の Clear selection（選択解除）で行います。

## 8. Enzyme (酵素) 画面の操作方法

Enzyme (酵素) 画面では、塩基配列上にある制限酵素サイトの情報が表示されます。表示する制限酵素を変更することも可能です。



The screenshot shows the GeneQuick web interface. At the top, there are tabs for 'New', 'Open', 'Save', 'Save As', and 'Print'. Below that, there are tabs for 'Map', 'Sequence', 'Enzyme', 'Feature', 'Primer', and 'Analysis'. The 'Enzyme' tab is selected. The main content area is titled 'Restriction Enzymes' and contains a search bar with the text 'Search by enzyme (e.g. BbsI, BsaI, EcoRI)'. Below the search bar is a table of restriction enzymes. The table has columns for 'Enzyme', 'Sites', 'Position', 'Recognition Site', and 'Overhang'. The 'Enzyme' column has a checkmark in the first row. The 'Position' column has two values for each enzyme, indicating the start and end positions of the recognition sites. The 'Recognition Site' column shows the DNA sequence for each enzyme. The 'Overhang' column shows the sequence of the DNA ends after digestion.

✓	Enzyme	Sites	Position	Recognition Site	Overhang
<input type="checkbox"/>	AclI	2	5,315, 5,688	AA▼CGTT AACG▲TT	5'
<input type="checkbox"/>	AfeI	2	2,682, 2,871	AGC▼GCT AGCA▲GCT	blunt
<input checked="" type="checkbox"/>	AgeI	1	135	A▼CCGGT ACCG▲AT	5'
<input checked="" type="checkbox"/>	AhdI	1	5,085	GACNN▼NNGTC GACNN▲NNGTC	5'
<input type="checkbox"/>	ApaLI	2	4,511, 5,757	G▼TGCAC GTGC▲AC	5'
<input type="checkbox"/>	AseI	2	4,067, 5,261	AT▼TAAT ATTA▲AT	5'
<input checked="" type="checkbox"/>	AvrII	1	2,002	C▼TAGG CCTAG▲G	5'
<input type="checkbox"/>	BamHI	2	2,368, 4,044	G▼GATCC GGATC▲C	5'
<input type="checkbox"/>	BglII	3	1,487, 1,495, 3,031	A▼GATCT AGATC▲T	5'
<input type="checkbox"/>	BmgBI	2	262, 479	CAC▼GTC GACA▲GTG	blunt
<input checked="" type="checkbox"/>	BsaI	1	2,767	GGTCTC▼NNNN GACAC▼NNNN▲	5'

図 8-1 : Enzyme 画面

### 8.1 Enzyme (酵素) の表示

塩基配列を表示した状態で、画面上部の 2 段目にある Enzyme (酵素) をクリックしてください。塩基配列上にある制限酵素サイトのリストが表示されます。リストでは、Enzyme (酵素名)、Sites (部位数)、Position (位置)、Recognition Site (認識サイト)、Overhang が確認できます。

デフォルトのリストには、一般的な制限酵素が表示されています。

その中で、塩基配列上にユニーク (1 箇所のみ) に存在する制限酵素サイトにチェックが入っており、シーケンス画面やマップで表示されています。ユーザーは、酵素のリストの左側にあるチェックを入れる・外すことで、表示の切り替えを行うことが可能です。

### 8.2 制限酵素の検索と追加

Enzyme (酵素) 画面で、制限酵素リストの上にある検索窓で、制限酵素名を入力すると、候補酵素が表示されます。

追加したい酵素があれば、右側の「追加」をクリックしてください。すでにリストに存在する酵素は「追加済み」になっています。

追加済みの中で、シーケンス画面やマップに表示したい場合は、「表示」にチェックを入れてください。

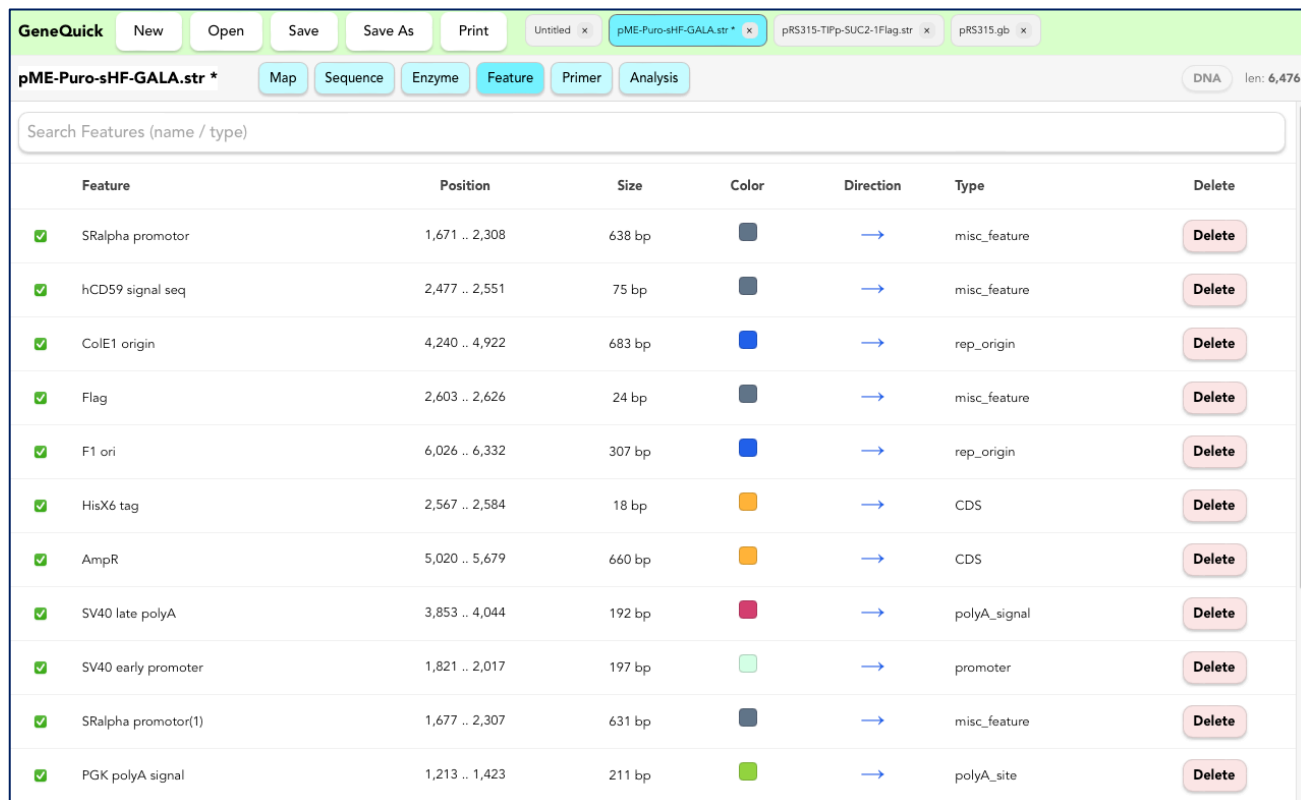
検索窓を閉じたい場合は、検索窓右側にある「Clear (クリア)」ボタンを押してください。  
追加された酵素を削除したい場合は、リスト中の酵素名の横に出ている「 - 」マークをクリックしてください。

### 8.3 制限酵素サイトへのジャンプ

制限酵素リスト中の Position (位置) にある数字をクリックすると、画面が遷移し、Sequence (シーケンス) 画面の制限酵素サイトまでジャンプします。

## 9. Feature (フィーチャー) 画面の操作方法

Feature (フィーチャー) 画面では、塩基配列上にあるフィーチャーの情報が表示されます。フィーチャーを編集、削除することも可能です。



Feature	Position	Size	Color	Direction	Type	Delete
✓ SRalpha promoter	1,671 .. 2,308	638 bp	■	→	misc_feature	Delete
✓ hCD59 signal seq	2,477 .. 2,551	75 bp	■	→	misc_feature	Delete
✓ ColE1 origin	4,240 .. 4,922	683 bp	■	→	rep_origin	Delete
✓ Flag	2,603 .. 2,626	24 bp	■	→	misc_feature	Delete
✓ F1 ori	6,026 .. 6,332	307 bp	■	→	rep_origin	Delete
✓ HisX6 tag	2,567 .. 2,584	18 bp	■	→	CDS	Delete
✓ AmpR	5,020 .. 5,679	660 bp	■	→	CDS	Delete
✓ SV40 late polyA	3,853 .. 4,044	192 bp	■	→	polyA_signal	Delete
✓ SV40 early promoter	1,821 .. 2,017	197 bp	■	→	promoter	Delete
✓ SRalpha promoter(1)	1,677 .. 2,307	631 bp	■	→	misc_feature	Delete
✓ PGK polyA signal	1,213 .. 1,423	211 bp	■	→	polyA_site	Delete

図 9-1 : Feature 画面

### 9.1 Feature (フィーチャー) の表示

塩基配列を表示した状態で、画面上部の2段目にある Feature (フィーチャー) をクリックしてください。塩基配列上にあるフィーチャーのリストが表示されます。リストでは、Feature (酵素名)、Position (位置)、Size (サイズ)、Color (色)、Direction (方向)、Type (タイプ) が確認できます。

### 9.2 Feature (フィーチャー) の検索

リストにあるフィーチャーは、検索窓に入力することで検索することが可能です。

### 9.3 Feature (フィーチャー) の編集、削除

リストにあるフィーチャーをダブルクリックすると、「フィーチャーを編集 (Edit Feature)」画面が立ち上がります。編集後、「OK」をクリックしてください。戻る場合は、「キャンセル」あるいは「x」をクリックしてください。

フィーチャーを削除する場合は、リストの右側にある「削除 (Delete)」ボタンをクリックし、確認が表

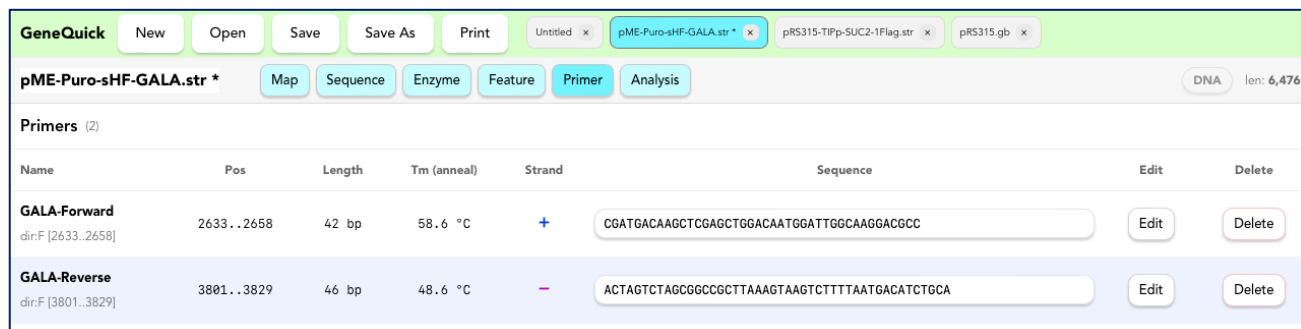
示されるので、削除を確定させてください。

#### 9.4 Feature (フィーチャー) へのジャンプ

リスト中のフィーチャーをシングルクリックすると、そのフィーチャーの背景が青く表示されます。この状態で、Sequence (シークエンス) 画面へ移動すると、選択したフィーチャーの塩基配列へジャンプして表示されます。

## 10. Primer (プライマー) 画面の操作方法

Primer (プライマー) 画面では、塩基配列上にあるプライマーの情報が表示されます。プライマーを編集、削除することも可能です。



Name	Pos	Length	Tm (anneal)	Strand	Sequence	Edit	Delete
<b>GALA-Forward</b> dir:F [2633..2658]	2633..2658	42 bp	58.6 °C	+	CGATGACAAGCTCGAGCTGGACAATGGATTGGCAAGGACGCC	Edit	Delete
<b>GALA-Reverse</b> dir:F [3801..3829]	3801..3829	46 bp	48.6 °C	-	ACTAGTCTAGCGGCCGCTTAAAGTAAGTCTTTTAATGACATCTGCA	Edit	Delete

図 10-1 : Primer 画面

### 10.1 Primer (プライマー) の表示

塩基配列を表示した状態で、画面上部の2段目にある Primer (プライマー) をクリックしてください。塩基配列上にあるプライマーのリストが表示されます。リストでは、Name (名前)、Pos (位置)、Length (長さ)、Tm (anneal)、Strand (鎖)、Sequence (配列) が確認できます。

### 10.2 Primer (プライマー) の編集、削除

リストにあるプライマーの「編集 (Edit)」ボタンを押すと、プライマーデザイナー画面が立ち上がります。編集後、「更新」をクリックすると変更が確定します。

プライマーを削除する場合は、リストの右側にある「削除 (Delete)」ボタンをクリックし、確認が表示されるので、削除を確定させてください。

## 11. Primer Designer (プライマーデザイナー) 画面の操作方法

Primer Designer (プライマーデザイナー) は、複数のプライマーを比較しながら、同時に設計できるようになっています。

プライマー・カードは、プライマーデザイナー画面の左下にある「+ Primer」ボタンで追加することが可能です。

	Total	Adapter	Anneal
Length:	46	17	29 bp
Tm:	62.1	49.5	48.6 °C
GC%:	41	65	28 %

図 11-1 : Primer Designer 画面

### 11.1 Primer Designer (プライマーデザイナー) の表示

Primer Designer (プライマーデザイナー) 画面を表示するには、Sequence (シークエンス) 画面から、画面上部の3段目にある「+ Primer」をクリックしてください。その際に、塩基配列を選択しておく、選択した配列が入った状態で、プライマーデザイナーが開きます。

既存のプライマーを編集する場合は、Sequence (シークエンス) 画面で、プライマー帯をクリックして、「Primer Edit」をクリックしてください。あるいは、Primer (プライマー) 画面から、リストにあるプライマーの「編集 (Edit)」をクリックすることでも、Primer Designer (プライマーデザイナー) 画面を表示することができます。

### 11.2 Primer Designer (プライマーデザイナー) の使い方

#### 11.2.1 名前 (Name)、Adaptor、Anneal の記載

Primer Designer (プライマーデザイナー) 画面が表示されたら、まず、名前 (Name)、Adaptor、Anneal を記載してください。

**名前 (Name) :** プライマーの名前を入力してください。

**Adaptor** : アダプター部分の配列を入力してください。

**Anneal** : アニールングに使用される配列を入力してください。デフォルトで、シーケンス画面で選択した配列が自動的に記載されます。

Adaptor と Anneal の配列は、右上の Length、Tm、GC%、および、画面下にある Template mini-view を参考に設計してください。

### 11.2.2 プライマーデザインの便利機能

**逆相補 (Reverse Complement)** : チェックを入れると逆相補配列に変換されます。チェックが入った状態ですと、次に説明するフィーチャー配列や制限酵素配列も逆相補の状態を入力されます。

**フィーチャー配列 (Feature Sequence)** : Kozak 配列や、Protease 認識配列など、よく利用する配列をこちらにまとめてあります。選択することで、Adapter 部分に配列が自動入力されます。

**制限酵素 (Restriction Enzyme)** : 制限酵素のリストから使用する酵素認識配列を選択すると、Adapter 部分に配列が自動入力されます。

**Anneal へ反映 (Copy to Anneal)** : Template mini-view の配列から任意の塩基配列部分を選択し、Anneal へ反映をクリックすると、Anneal に選択した配列が追加されます。

### 11.2.3 追加、コピー、閉じる

名前 (Name)、Adaptor、Anneal を入力後、「**追加 (Add)**」をクリックすることで、プライマー配列が登録され、シーケンス画面上にも表示されます。

「**コピー (Copy)**」 : クリックすると、プライマー配列 (Adapter+Anneal) がコピーされますので、Word など他のテキストファイルにペーストすることが可能です。

「**閉じる (Close)**」 : クリックすると、設計中のプライマー画面が閉じます。設計中のものは保存されませんので、ご注意ください。

### 11.2.4 Close all (すべて閉じる)

「**すべて閉じる (Close all)**」 をクリックすると、プライマーデザイナー画面を閉じます。

## 12. Analysis（解析）画面の操作方法

Analysis（解析）は、主に、テンプレート DNA とサンガーシーケンスのデータ（.ab1 ファイル）をアライメントして比較するためのものです。サンガーシーケンスの結果をもとに、配列の編集を行うことが可能です。

また、サンガーシーケンスデータ（.ab1 ファイル）以外でも.seq、.fasta、.dna、.gb など、複数のファイル形式をサポートしていますので、配列比較を行うことも可能です。



図 12-1 : Analysis 画面

### 12.1 Analysis（解析）画面の表示

塩基配列を表示した状態で、画面上部の 2 段目にある Analysis（解析）をクリックしてください。塩基配列がテンプレート配列（Template sequence）として表示されます。

### 12.2 配列ファイル（.ab1 ファイルなど）の読み込み

画面左上の「配列ファイルの読み込み（Load Read）」をクリックするとファイルを選択できるようになります。読み込みたい配列ファイルを選択し、Open を押すと、ファイルが読み込まれます。

あるいは、「配列ファイルの読み込み（Load Read）」部分に配列ファイルをドラック&ドロップして、読み込ませることも可能です。この場合、複数ファイルを同時に読み込ませることも可能です。

### 12.3 配列ファイルのアライメント

配列ファイル（.ab1 ファイルなど）を読み込むと、自動的にテンプレート配列へアライメントされます。ファイルが.ab1 ファイルの場合、画面左のそれぞれのファイルの「 Chrom」にチェックを入れると、波形データを表示することができます。

配列ファイルの塩基配列がテンプレート配列と異なる、あるいは、無い（gap）場合、赤色背景で表示されます。

配列ファイルの塩基配列がテンプレート配列上に無い場合、青色背景で表示されます。

## 12.4 配列の編集

### 12.4.1 テンプレート配列の編集

テンプレート配列を編集する場合、カーソルを目的の塩基配列部分に持っていき、塩基を挿入、削除、置換してください。配列上で、選択、コピー (Command+C)、ペースト (Command+V)、削除 (Delete or Backspace) 等を用いて、編集してください。

塩基が挿入、あるいは、削除される場合、配列の再アライメントが行われます。

### 12.4.2 サンガーシーケンス・データの編集

アライメントを行った配列ファイルを編集する場合も、配列上で、選択、コピー (Command+C)、ペースト (Command+V)、削除 (Delete or Backspace) 等を用いて、編集してください。

5'末端や 3'末端を削除する場合は、端の塩基まで削除すると綺麗になります。

配列データを編集しても、テンプレート配列との再アライメントは行われません。必要な場合は、画面左のそれぞれのファイルにある「Realign」ボタンを押すと、再アライメントが実行されます。

## 12.5 解析の注意点

解析で、テンプレート配列の編集を行った場合、Sequence (シーケンス) 画面に反映されます。

一方、解析で行った配列ファイルの編集は保存されませんので、ご注意ください。あくまで、サンガーシーケンス・データの配列確認としてご利用ください。

.geneq でファイルを保存する場合、配列ファイルも一緒に保存されます。

## 13. 印刷

### 13.1 印刷の方法

Map (マップ)、Sequence (シークエンス)、Enzyme (酵素)、Feature (フィーチャー)、Primer (プライマー) 画面は印刷することが可能です。\*Analysis (解析) 画面は印刷することができません。それぞれの画面を開き、画面上1段目にある「Print (印刷)」をクリックしてください。メニューバーにある File -> Print,,,からの印刷可能です。