

# Primer\_Prediction\_From\_GenBank

版本：20221214

更新内容：主程序由命令行收集参数改为读取配置文件获取参数，GUI 界面优化各布局。

## 一、软件功能介绍

此软件主要实现批量向指定基因组中插入或删除特定片段核酸序列后，重新根据 Gibson 组装原理设计引物以便进行实验组装，最后组装成新的基因组再连接到指定的载体质粒上。

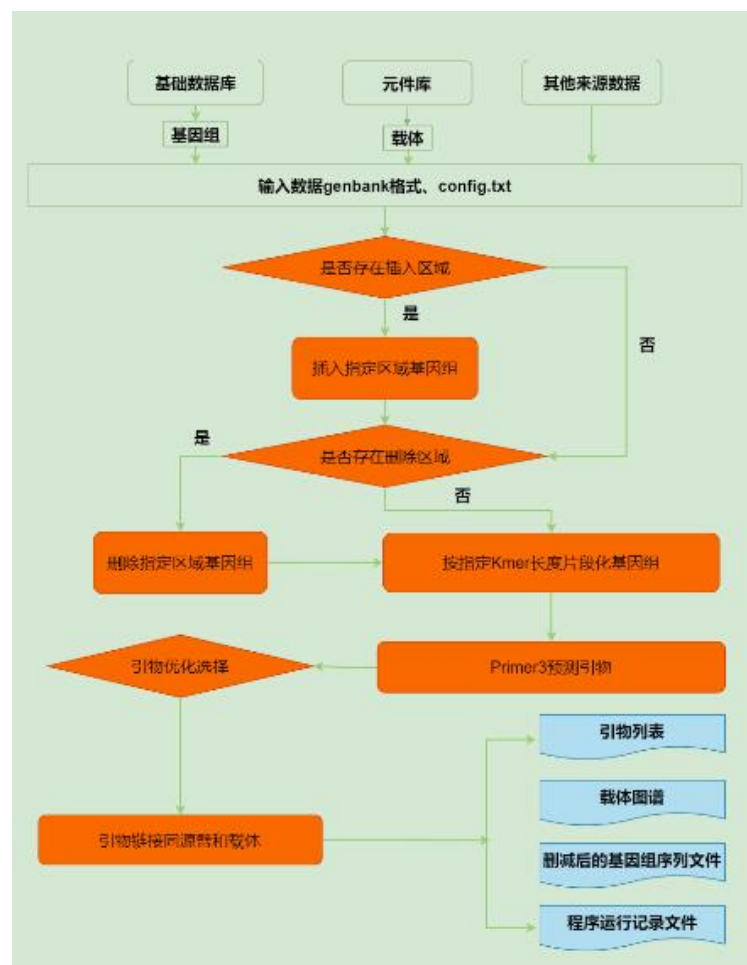
## 二、软件性能

软件可单机作业，速度快，操作简单，引物基于 Primer3 预测可靠性较高。

## 三、软件适用平台

软件有 GUI 及 command 两个版本，可使用于多种类型系统的电脑

## 四、软件实现功能的逻辑路线



## 五、软件使用说明

### 1、输入数据

- 目标基因组文件，gb 格式
- 载体文件，gb 格式
- 目标片段编辑配置文件，table 分隔的 txt 文件，示例如下：

包含（染色体号、目标区 ID（可自定义）、起始位置、终止位置、类型（INSERT 和 DELETE）、序列（插入类型必须提供）

ChrID	ID	Start	End	Type	Seq
Exported	INSERT001	4988	-	INSERT	ggaagcgatctgcga
					ggccgcgtgctctccgtgaccgtttcagagcgtttcgtaaaccggacgccaccgcgagtcggttcgcctcc
					acctgcggcttcccggggaagcgaacgta
Exported	INSERT002	17760	-	INSERT	atgcccgccaaagccc
					gaagtggactggctgctcgcgagaaaccccgccgtccctggatccgccgcggtccaccgccgcgagtg
					gaccgtacggcgacgggcaagacctcgagggcccggttcgcctcgcgcctcacggtcgagaacggccgga
Exported	INSERT003	29701	-	INSERT	atgaccgcgcgcggcc
					ggcgccgcctgctcgcgcgtcgtcacgcgtcgtccccgcateggcgggcgccgagcaacggccgctcgat
					gggagtgcggcaccagtcctggcgatgggaactcacgggcacatctggtacgacgagtgaggagcaggagcgcc
					tctgggacttcccgtacgccagtcaccggcgacgatcttctacaacttccacagcggcgaaggccctggag
Exported	DELETE1	478	696	DELETE	-
Exported	DELETE2	6354	6812	DELETE	-
Exported	DELETE3	8493	9023	DELETE	-
Exported	DELETE4	9393	9890	DELETE	-
Exported	DELETE5	11525	11794	DELETE	-
Exported	DELETE6	14606	15094	DELETE	-

### 2、输出数据

```

Genome_Spliced_Primer_result/
├── Fragments
│   ├── After_Insert_Delete.fa
│   ├── Genome.Split.xls
│   ├── Genome.processed.log
│   ├── Genome_And_Vector.gb
│   ├── Genome_Final.fa
│   └── MarkerDown_genbank.gb
├── Primer_result
│   ├── Primer.input
│   ├── primer.final.result.xls
│   ├── primer.picked.result.xls
│   └── primer3.out
└── run.log
  
```

After\_Insert\_Delete.fa 是目标基因组删除和插入后的序列，fasta 格式文件。

Genome.Split.xls 是目标基因组删除和插入后，再按指定规则进行切割后，table 分隔的文本文件。

Genome\_Final.fa 是目标基因组经过编辑后的理论序列，fasta 格式文件。

MarkerDown\_genbank.gb 是目标基因组序列标注删除、插入后的 gb 格式文

件。

Primer.input 是引物预测配置文件。

primer.final.result.xls 是各片段 Gibson 组装 top1 引物结果文件。

primer.picked.result.xls 是各片段 Gibson 组装所有引物结果文件。

primer3.out 是引物预测原始结果文件。

\*log 是过程记录文件。

### 3、参数

名称	值	备注
GenBankFile of Genome		目标基因组文件, gb 格式
GenBankFile of Vector		载体基因组文件, gb 格式
Config file		目标区域片段配置文件, 参考示例
Outdir		结果输出目录, 可自定义目录名
Insert	END	目标基因组片段插入载体的位置
Width	5000	目标基因组片段大于 5kb, 则进行打断
Overlap	100	目标基因组片段被打断后各片段至少保留 100bp 的 overlap
Length of arm	20	相邻片段间同源臂长度 20bp
Length of left range genome	40	左侧引物位于目标序列左侧 40bp 范围内
Length of right range genome	40	右侧引物位于目标序列右侧 40bp 范围内
min_primer	18	最小引物长度
max_primer	30	最大引物长度
opt_primer	20	最优引物长度
Diff_Tm	5	引物间最大 Tm 差
Left arm of Vector		Forward 引物添加的载体同源臂序列, 默认空值 则自动从 vector gb 文件提取
Right arm of Vector		Reverse 引物添加的载体同源臂序列, 默认空值 则自动从 vector gb 文件提取
path of primer3	bin/primer3_ core.exe	Primer3_core.exe 所在路径, 默认在主程序的 bin 目录中

#### 4、示例

进入 GUI 中，双击“Primer\_Prediction\_From\_GenBank\_GUI.v4.exe”打开 GUI 应用界面，选择输入文件及相应参数，点击运行即可。

