

猫も杓子も

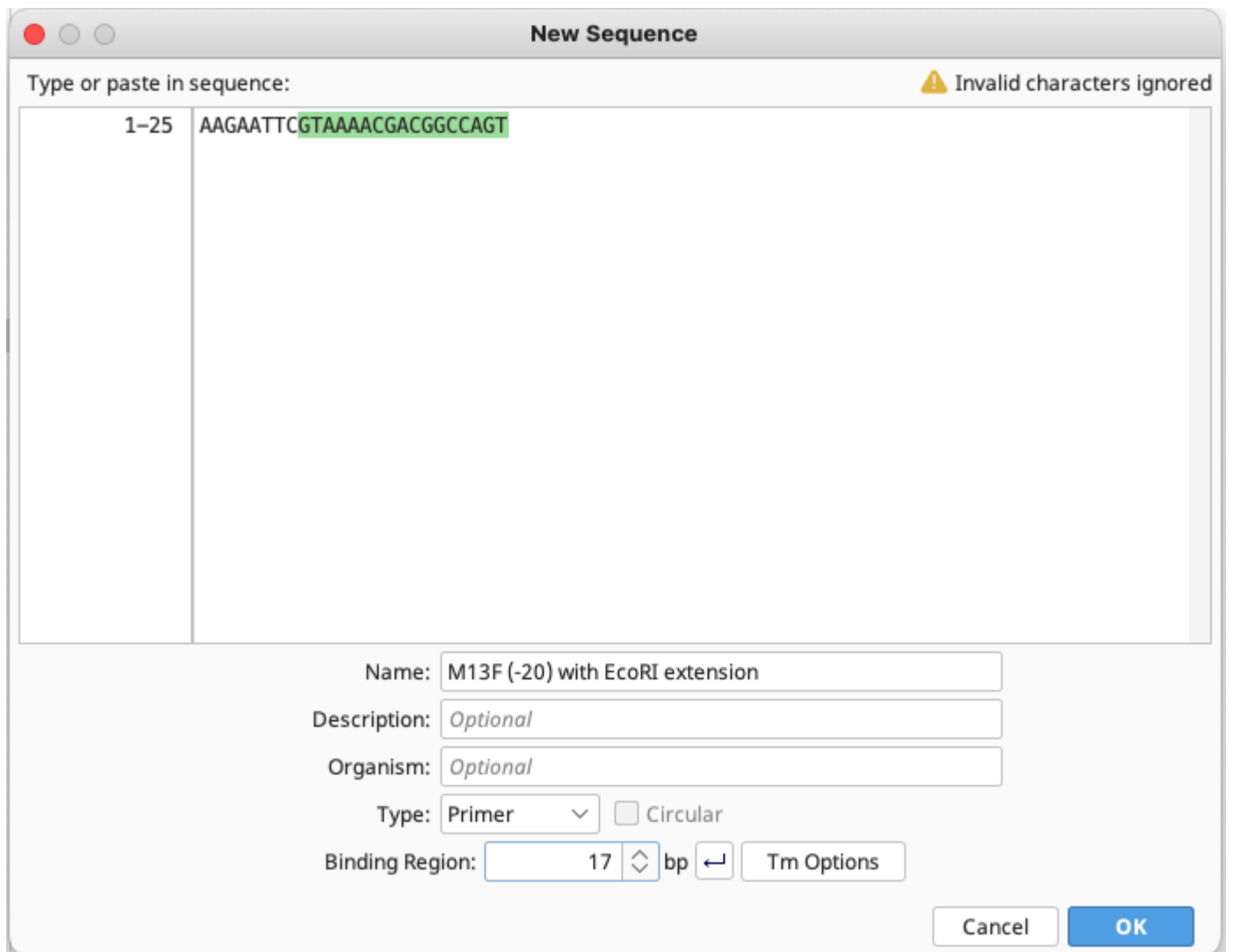
## Geneious Prime でシーケンス解析

### 第 40 回 プライマーデザイン機能（作成とインポート）



前回: [第 39 回 プライマーデザイン機能（はじめに）](#)

Geneious で、公開されているプライマー配列などを使ってプライマーを作成したい場合は、**File** × **ニュー** → **New** → **Sequence** を選択します。**New Sequence** ウィンドウが開きますので、プライマー配列をタイピングまたはペーストで入力し、**Type** を **Primer** に設定します。プライマーに伸長部位がある場合は、結合領域に対応する領域を選択し、**Binding region:** ボタンを押して結合領域の開始点を設定します。



**New Sequence**

Type or paste in sequence: ⚠ Invalid characters ignored

1-25 AAGAATTCGTAAAACGACGCCAGT

Name: M13F (-20) with EcoRI extension

Description: Optional

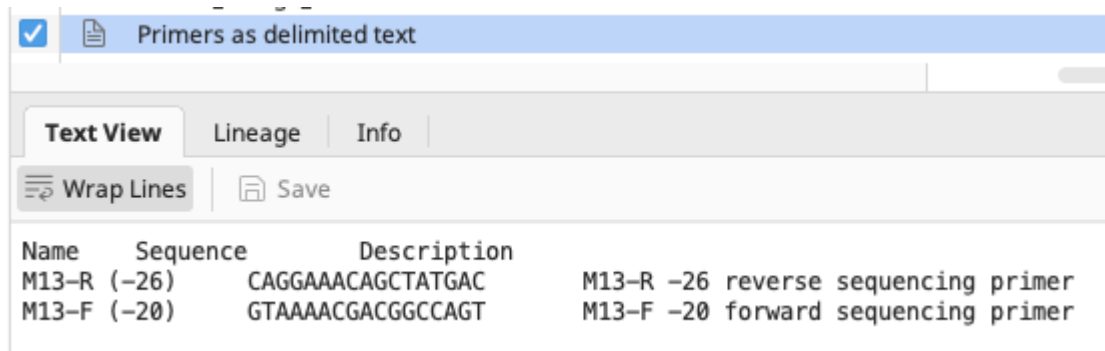
Organism: Optional

Type: Primer ☐ Circular

Binding Region: 17 bp Tm Options

Cancel OK

OK すると、新しいプライマーファイルが作成されます。



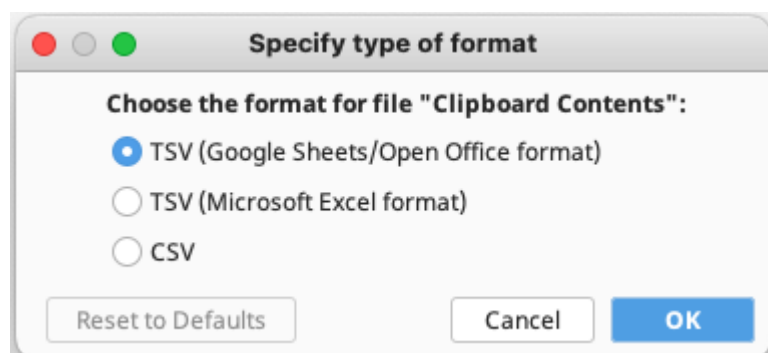
別の方法として、プライマーを作成した後にエクステンションを追加することもできます。この場合は、作成したプライマーを選択し、**Primers → Add 5' Extension** と進みます。これで、制限酵素部位や Gateway 部位などのアノテーション付きエクステンションエレメントをプライマーに追加することができます。

Excel スプレッドシートやカンマ/タブ区切りテキストからもプライマー配列を簡単にインポートすることができます。表のデータには最低限、プライマー名とプライマー配列(5' -3' )の 2 つのカラムが必要です。

Excel のスプレッドシートにプライマーのコレクションがある場合は、タブ区切り(.tsv)またはカンマ区切り(.csv)のいずれかの形式でファイルを保存することができます。その後、Geneious Prime の **File メニュー → From File...** または、Geneious Prime のウィンドウにファイルをドラッグするだけでインポートすることができます。表データをどのフォーマットでインポートするかを確認した後、**Import Sequences** ウィンドウが開きます。

Excel のスプレッドシートやカンマ/タブ区切りテキストにプライマーがある場合、カラムデータをコピー (ctrl+C または command+C) し、Geneious Prime にペースト (ctrl+V または command+V) することでもインポートできます。

[チュートリアルデータ](#)にある Primers as delimited text ファイルから、プライマーをタブ区切りデータ(.tsv)としてインポートする手順を試すことができます。Geneious ウィンドウ上部に表示されているドキュメントテーブルで Primers as delimited text ファイルを選択し、下部のビューアーに表示される 3 行のテキストを選択してコピーします。



次に、ドキュメントテーブルの空の行をクリックして(Primers as delimited text ファイルの選択を解除し)、ペースト(ctrl+V または command+V)します。

ファイルの種類を指定する **Specify File type** ダイアログが開きますので、一番上の TSV を選択し、**OK** をクリックします。

**Import Sequences** ダイアログウィンドウが開きます。このダイアログでは、インポートデータの形式を指定し、テーブルのカラムをファイルの適切なメタデータフィールドにマッピングすることができます。

**Import Type** が **Primer** に設定されていることを確認し、**Determine characteristics** にチェックを入れます(これにより Tm 値が **primer\_bind** アノテーションに追加されます)。コピーされたデータの最初の行はヘッダなので、**Top row values are column headings** オプションがチェックされていることを確認します。最後に、**Name**、**Sequence**、**Description** が適切なメタデータフィールドにマッピングされていることを確認します。

**Import Documents**

Import: Sequences Metadata

---

Import Type: Primer

☒ Determine Characteristics Options...

☒ Top row values are column headings

☐ Detect Extension AUTO

Clipboard Contents

| Name        | Sequence   | Description                         |
|-------------|------------|-------------------------------------|
| M13-R (-26) | CAGGAAA... | M13-R -26 reverse sequencing primer |
| M13-F (-20) | GTAAAC...  | M13-F -20 forward sequencing primer |

Import as: ☒ Separate sequences ☐ Sequence list

Name: Name (column 1)

Sequence: Sequence (column 2)

Description: Description (column 3)

Primer Extension: None

Additional Fields

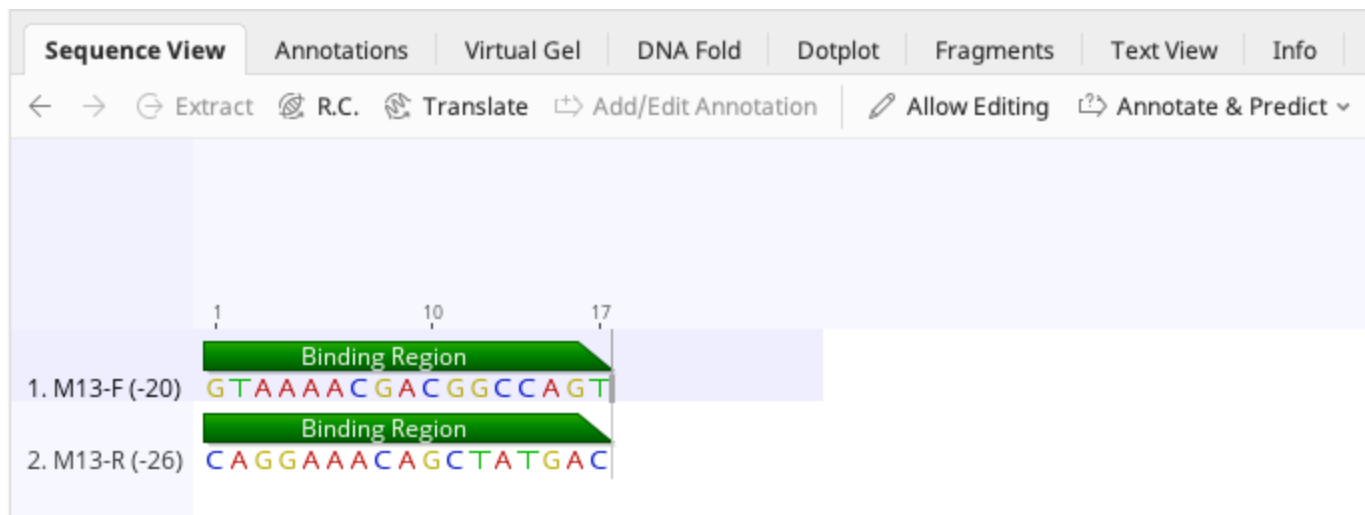
- Organism: None
- Common Name: None
- Taxonomy: None
- Topology ("linear" or "circular"): None
- Genetic Code ("Standard", ...): None
- Molecule Type: None
- Accession: None
- Notes: None
- Created: None Date Options...

Metadata

Metadata: None Fields... + -

Cancel OK

OK をクリックすると、チュートリアルフォルダ内に 2 つの新しいプライマーファイルが作成されます。



次回はプライマーの手動設計についてご紹介する予定です。

Geneious 製品概要・フリートライアルリクエストについては[こちら](#)

『Geneious Prime で猫も杓子もシーケンス解析』 過去の記事は[こちらでチェック！](#)

TDB News 5. 2025  
トミーデジタルバイオロジー株式会社  
Phone 03-6240-0843 Fax 03-6240-0461