

NovoBuilder 基因合成设计工具操作指南

工具概述

NovoBuilder 基因合成设计工具是一款专业的分子生物学在线工具，专门用于质粒构建设计、序列优化和图谱生成。该工具集成了载体选择、酶切位点设计、序列插入、密码子优化、图谱查看、图谱修改、报价等多项功能。

核心特点

智能质粒设计

- 自动酶切位点识别：支持 50+ 种常用限制性内切酶（如 EcoRI、BamHI、HindIII 等）
- 智能序列验证：自动检测序列格式，仅接受 ATCG 核苷酸序列

载体库管理

- 丰富的载体库：内置多种表达载体，按功能分类（克隆载体、表达载体等）
- 载体搜索功能：支持按载体名称快速搜索和筛选

密码子优化

- 多物种支持：支持 27 种常用表达宿主的密码子优化
 - 原核系统：E.coli、Bacillus subtilis 等
 - 真核系统：Homo sapiens、Mus musculus、Saccharomyces cerevisiae 等
 - 植物系统：Arabidopsis thaliana、Nicotiana tabacum 等
 - 昆虫细胞：Spodoptera frugiperda、Drosophila melanogaster 等
- **批量优化**：支持选中多个序列进行批量密码子优化

文件处理能力

- 多格式支持：支持.fasta、.fas、.fa、.seq 格式文件上传
- 拖拽上传：现代化的拖拽式文件上传界面
- 示例文件：提供标准格式示例文件下载

详细操作指南

第一步：序列输入

方法一：手动输入

1. 在表格中填写 质粒名称（最多 50 个字符，支持字母、数字、下划线、连字符等）
2. 点击 载体名称 输入框，从弹出的载体选择器中选择合适的载体
3. 选择 5'酶切位点 和 3'酶切位点
4. 在 插入序列 框中输入目标 DNA 序列（仅支持 ATCG 字符）或者氨基酸序列

5. 选择 序列类型 (DNA 或 Protein)

方法二：文件上传

1. 点击 上传序列文件 区域
2. 拖拽或点击选择 FASTA 格式文件 (最大 1MB)
3. 系统自动解析文件内容并填充到表格中

第二步：载体选择

1. 点击载体名称输入框，打开载体选择器
2. 在 载体分类 中选择合适的类别：
 - Cloning: 用于基因克隆
 - Bacterial Expression: 原核表达
 - Mammalian Expression: 哺乳动物表达
 - Plant Expression: 植物表达
 - Yeast Expression: 酵母表达
3. 在 载体名称 列表中选择具体载体
4. 或使用搜索框输入载体名称进行快速查找

第三步：序列设计 酶切位点选择

- 5'酶切位点：选择插入序列上游的限制性内切酶
- 3'酶切位点：选择插入序列下游的限制性内切酶
- 系统支持 50+ 种常用酶切位点，包括：
 - 常用六碱基酶：EcoRI (GAATT)、BamHI (GGATCC)、HindIII (AAGCTT)
 - 八碱基酶：NotI (GCGGCCGC)、Ascl (GGCGCGCC)
 - 四碱基酶：Mspl、HpaII 等 序列验证
- 系统自动验证序列格式
- 仅接受标准 DNA 序列 (A、T、C、G)
- 自动转换为大写字母
- 实时显示序列长度

第四步：密码子优化（可选）

1. 选中需要优化的序列行 (勾选复选框)
2. 在 密码子优化 区域选择目标表达宿主
3. 点击 优化选中序列 按钮
4. 系统自动根据宿主偏好性优化密码子使用

第五步：生成质粒图谱

1. 检查所有必填信息是否完整
2. 点击 继续 按钮，序列类型为 Protein 的会被自动忽略，不进入下一步处理。
3. 系统后台处理：
 - 验证输入数据

- 查找载体信息
- 计算酶切位点位置
- 插入目标序列
- 调整特征元素位置
- 生成 GenBank 格式图谱文件

第六步：结果查看

- 系统生成质粒图谱文件 (.gb 格式)
- 可在 NovoBuilder 主界面查看和编辑图谱
- 支持图谱注释、特征标记等高级功能

高级功能

🔧 智能序列处理

- 移码校正：针对蛋白表达载体自动处理阅读框问题
- Kozak 序列添加：真核表达时自动添加 Kozak 共识序列
- 反向互补处理：根据酶切位点位置关系自动处理序列方向

📊 批量操作

- 多行添加：支持一次性添加多行序列
- 批量删除：支持选中多行进行批量删除
- 全选功能：一键选择所有序列行

💾 数据管理

- 自动保存：系统自动保存设计进度
- 唯一标识：每个项目生成唯一 ID 用于数据管理
- 时间戳记录：记录创建和更新时间

注意事项

⚠ 输入限制

- 质粒名称：最多 50 个字符
- 序列格式：仅支持 ATCG 核苷酸或者氨基酸序列
- 文件大小：最大 1MB
- 酶切位点：必须在支持列表中

🔍 质量控制

- 系统自动验证所有输入数据
- 检查酶切位点在载体中的存在性
- 验证序列格式和长度
- 提供详细的错误提示信息

🎯 最佳实践

1. 载体选择：根据表达宿主和用途选择合适载体
2. 酶切位点：选择在载体 MCS 区域存在的酶切位点
3. 序列优化：根据表达宿主进行密码子优化
4. 命名规范：使用清晰的质粒命名规则

技术支持

如在使用过程中遇到问题，请联系技术支持：

- 邮箱： support@novoprolabs.com
- 在线帮助： 点击界面右上角"操作指南"按钮

这款基因合成设计工具通过直观的界面设计和强大的后端处理能力，为分子生物学研究提供了高效、准确的质粒设计解决方案。无论是简单的基因克隆还是复杂的表达载体构建，都能满足研究需求。