



**Digital Biology<sup>®</sup>**



digital biology

**geneious**

**Geneious Prime 2023**

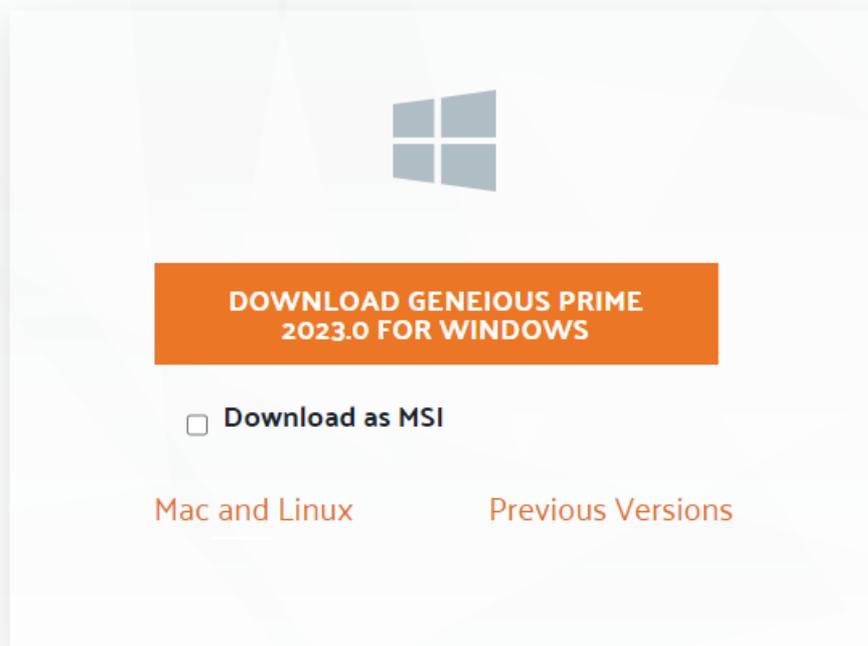
**主な新機能と変更点**

トミーデジタルバイオロジー株式会社

# Geneious Prime 2023が公開されました

## Geneious Prime 2023.0 Download

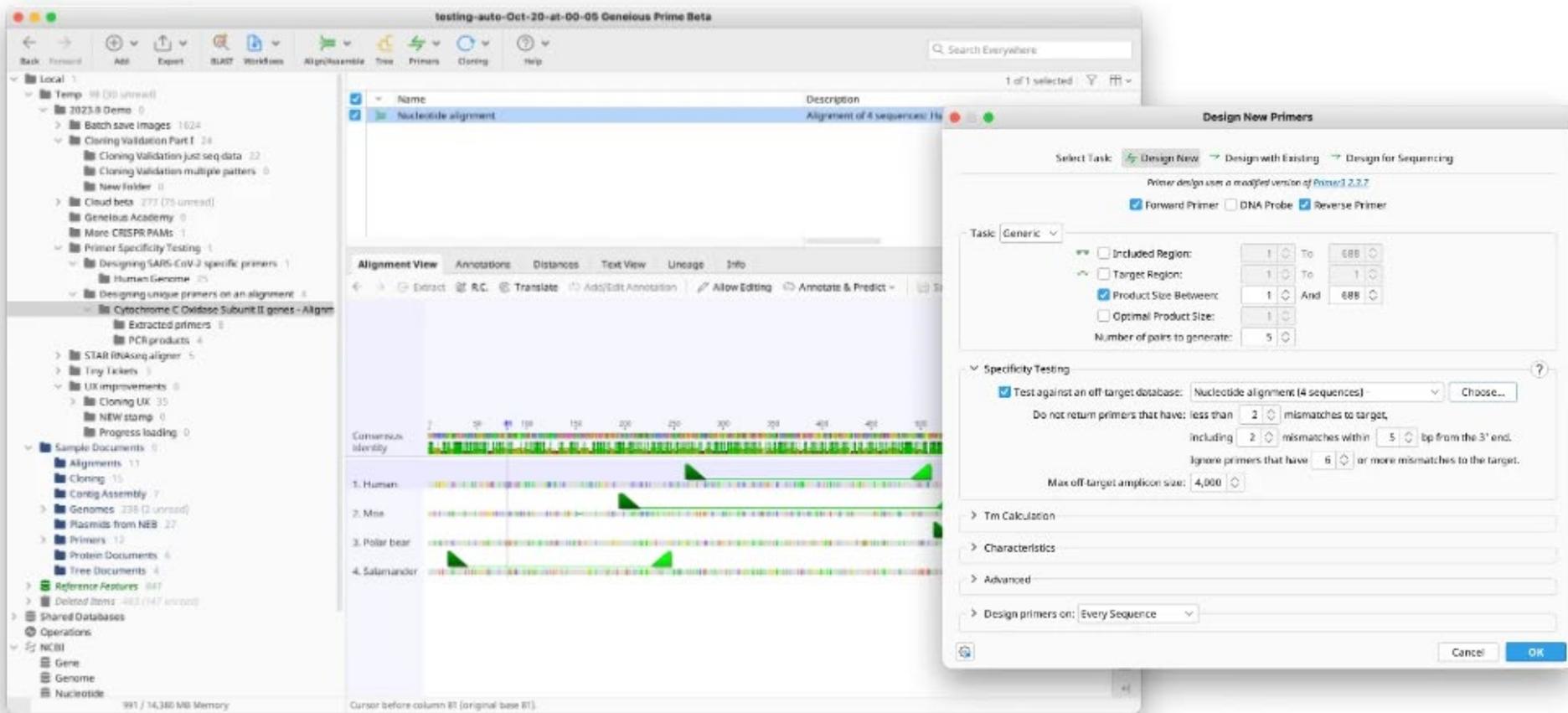
Download and install the the world's leading bioinformatics software platform used by over 4,000 institutes in more than 125 countries.



最新版はこちらのサイトよりダウンロードができます

<https://www.geneious.com/download/>

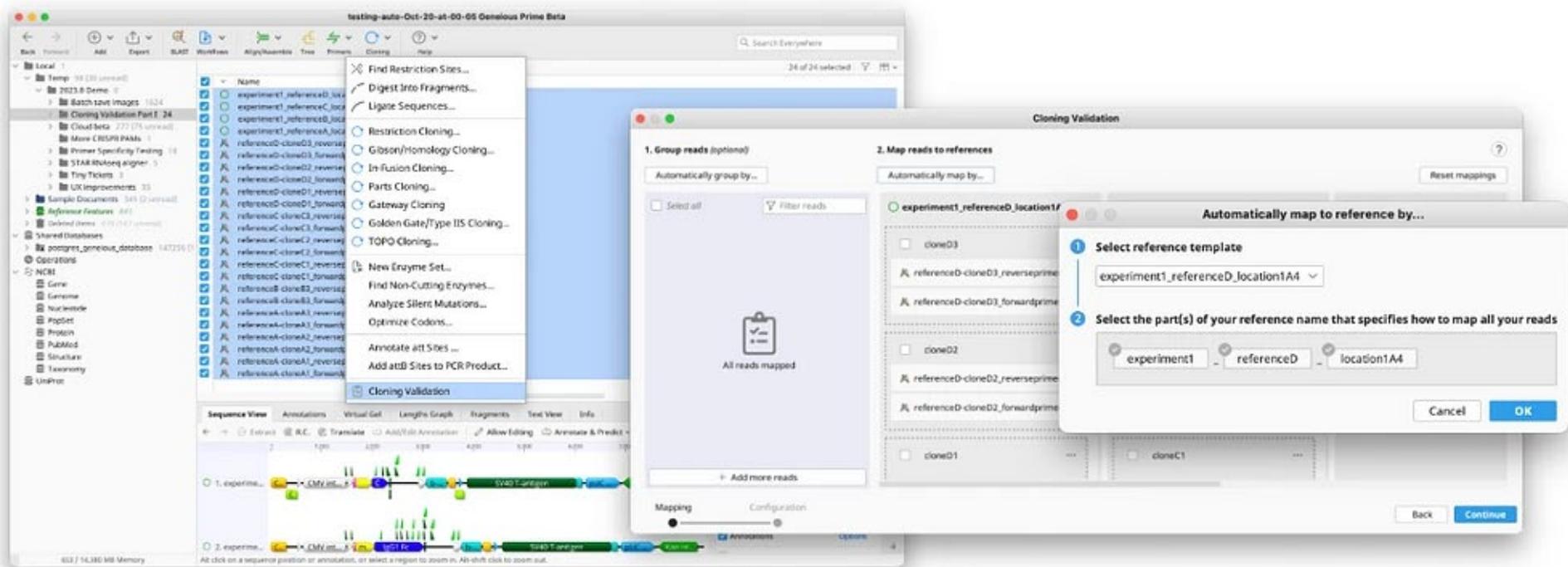
# プライマー特異性テスト機能の搭載



新しいプライマー特異性テスト機能により、  
ターゲットに特異的なプライマーをワンステップで設計できます



# クローニング検証ツールの追加



プラスミドバッチ検証中のシーケンスアライメントを自動化する新しいビジュアルツールが追加されました



# STAR RNA-seq マッパーの追加

testing-auto-Oct-20-at-00-05 Geneious Prime Beta

Map to Reference(s)

Data

Reference Sequence: SARS-CoV-2 - Deleted Items Choose... ?

NC\_007123 will be mapped to SARS-CoV-2

Assemble by: 1st part of name, separated by: [Hyphen]

Assemble each sequence list separately

Method

Mapper: Star ?

Geneious  
STAR 2.7.10a - ultrafast aligner  
If you publish results, please cite: doi:10.1093/bioinformatics/bty354  
Note: Paired reads can be set to map to the same contig

Geneious RNA: Geneious for RNA Seq  
Bowtie: short read mapper  
Bowtie2: fast and accurate read mapper  
Minimap2  
Tophat: RNAseq aligner  
Star: RNA-seq aligner NEW  
BMAP  
Save list of used reads: [ ] include mates

Trim Before Mapping

Use existing trim regions  
Remove existing trim regions from sequences  
Trim sequences Options  
Do not trim

Save in sub-folder  
Save contigs  
Save consensus sequences Options

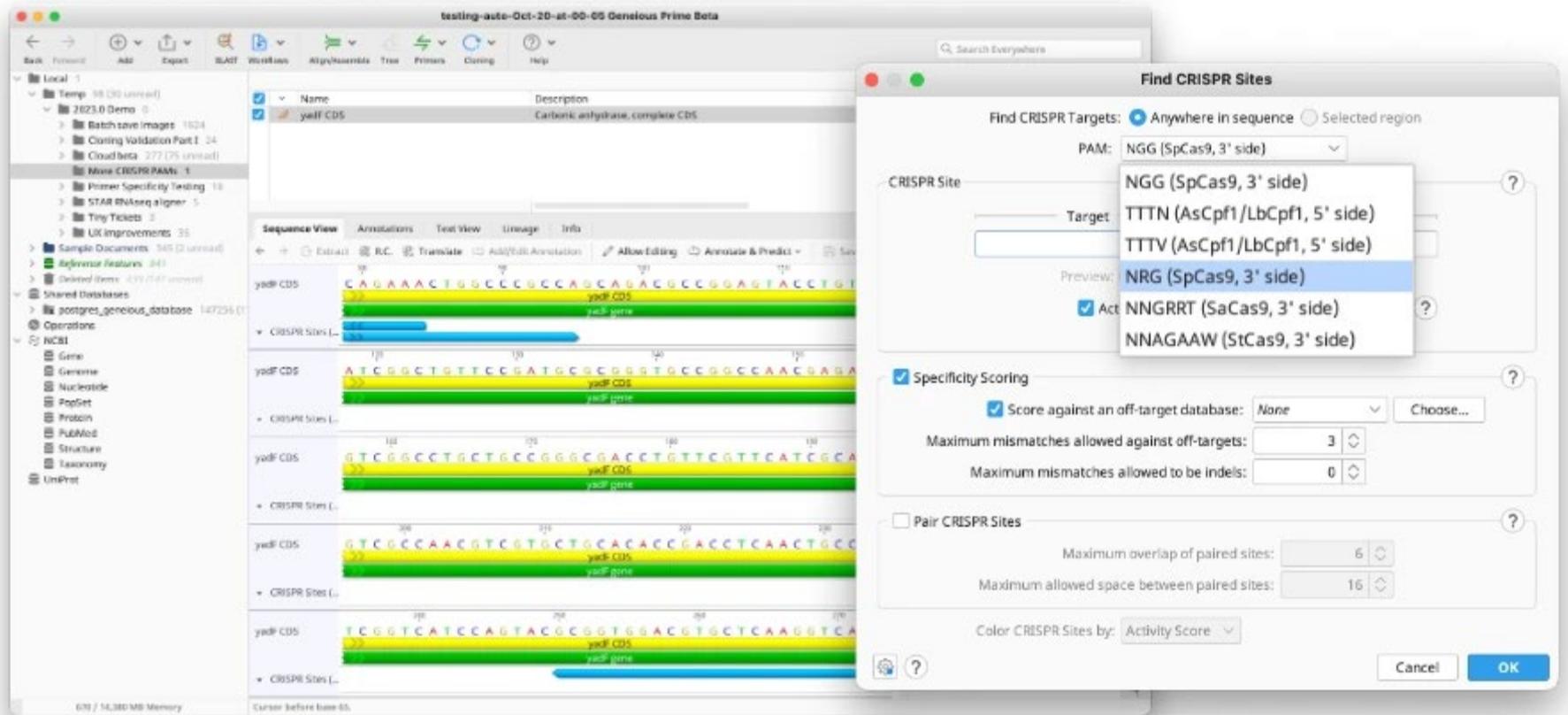
More Options v

Cancel OK

Name	Type	Minimum	Maximum	Length	# Intervals	Direction
junction 7023	junction	48,067,845	48,273,158	2	2	none
junction 7022	junction	48,067,897	48,179,104	2	2	none
junction 7021	junction	48,067,715	48,258,852	2	2	none
junction 7020	junction	48,064,482	48,137,609	2	2	none
junction 7019	junction	48,063,894	48,112,583	2	2	none
junction 7018	junction	48,062,099	48,804,291	2	2	none

高精度にスプライスシーケンスのアライメントを行うことが可能な  
STAR RNA-seq マッパーが追加されました

# CRISPR解析機能の改良



PAMが追加されたほか、  
特異性テストに使用するシーケンスを個別に選択できるようになりました

# Geneious Academyリンクの追加



Master Geneious and key concepts in molecular biology and bioinformatics.  
FREE unlimited access to online courses.

HelpメニューにGeneious Academyへのリンクが追加されました  
様々な解析に役立つビデオが多数収録されています



# その他の機能の変更

BBDukトリマーがバンドルされ, プラグインの追加は不要となりました

Bowtie2: バージョン2.4.5 に更新されました

MAFFT: バージョン 7.490 に更新されました

MUSCLE: バージョン 5.1 に更新されました

SPAdes: バージョン 3.15.5 に更新されました

16S Biodiversityツールは削除されました

TopHat RNA-seq マッパーは削除されました

# Want more details?

これまでのバージョンと, Prime 2023で追加された機能に関しては  
下記のページでご確認いただけます(英語)

<https://www.geneious.com/whats-new/>

その他のマイナーチェンジや, バグの修正を含むすべてのアップデート情報は,  
下記のGeneious Primeリリースノートでご確認いただけます(英語)

<https://assets.geneious.com/documentation/geneious/release-notes.html>

# Geneious Prime 2023のシステム要件

OS: Windows 7/8/8.1/10/11 (64-bit)  
Mac OS 10.11 El Capitan以降  
Linux Ubuntu Desktop LTS (18.04 and 20.04)

CPU : x86 64-bit

メモリ : 2 GB以上のRAM

ハードディスク : 2 GB以上の空き容量

モニタ : 1024x768以上の解像度

※上記はアプリケーションが動作する最小の構成です  
NGS関連の解析機能などを使用される場合はデータ量に依存します

# Mac (Apple M1) ユーザーの方へのご注意

Prime 2019(=R12)以前のバージョンのGeneiousは、macOS Big Sur 11以降の環境で動作することができません

macOS Big Sur 11またはmacOS Monterey 12でGeneiousを使用されたい方は、Prime 2020以降のバージョンにアップグレードしていただく必要があります

GeneiousがサポートしているOSの詳細な情報につきましては以下をご参照ください

<https://help.geneious.com/hc/en-us/articles/360045071451-Supported-Operating-Systems>

# マニュアルのダウンロード

日本語版(Prime 2022.0) (2023版は準備中です)

<https://www.digital-biology.co.jp/datadownload/Geneious>

ユーザー名: geneious@biomatters

パスワード: orange

英語版(最新版)

<https://manual.geneious.com/en/latest/>

Geneious内にあらかじめ入っているデモデータをクリックすると横に表示されるHelpパネル(英語)もご参照ください

# カスタマーサポート

トミーデジタルバイオロジー株式会社

TEL: 03-6240-0451

E-mail: support@digital-biology.co.jp

担当: 田中・越後

対応時間: 平日9:00~17:30



※メーカーの公式なサポートは最新バージョンと一つ前のバージョンまでが対象となっております(2022年12月現在、Prime 2022まで)

それ以前のバージョンはサポートできかねることがございますので何卒ご了承ください

旧バージョンをご利用の方でアップグレードをご希望の方は弊社までお問い合わせください