

Digital Biology[®]



digital biology

geneious

Geneious Prime 2023

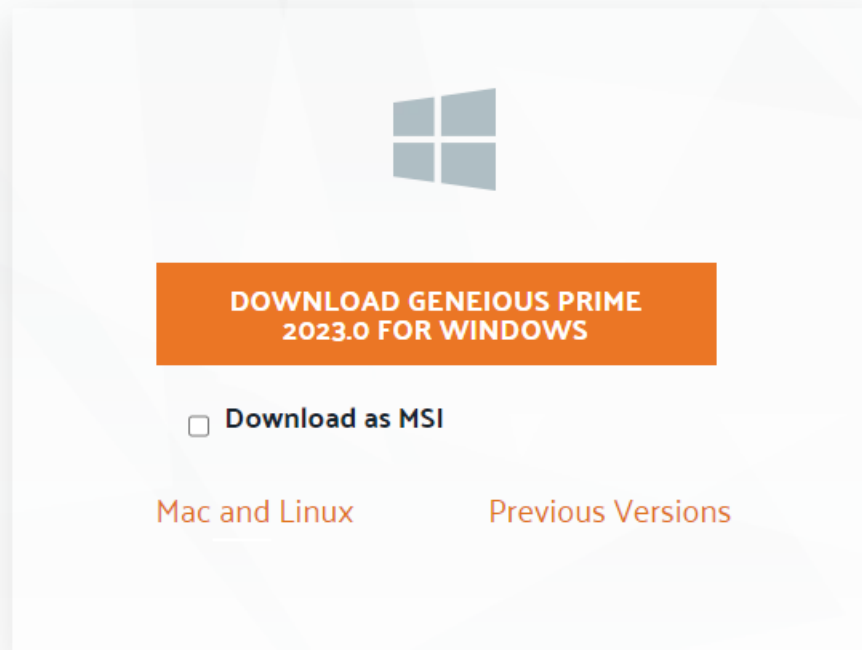
主な新機能と変更点

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/>

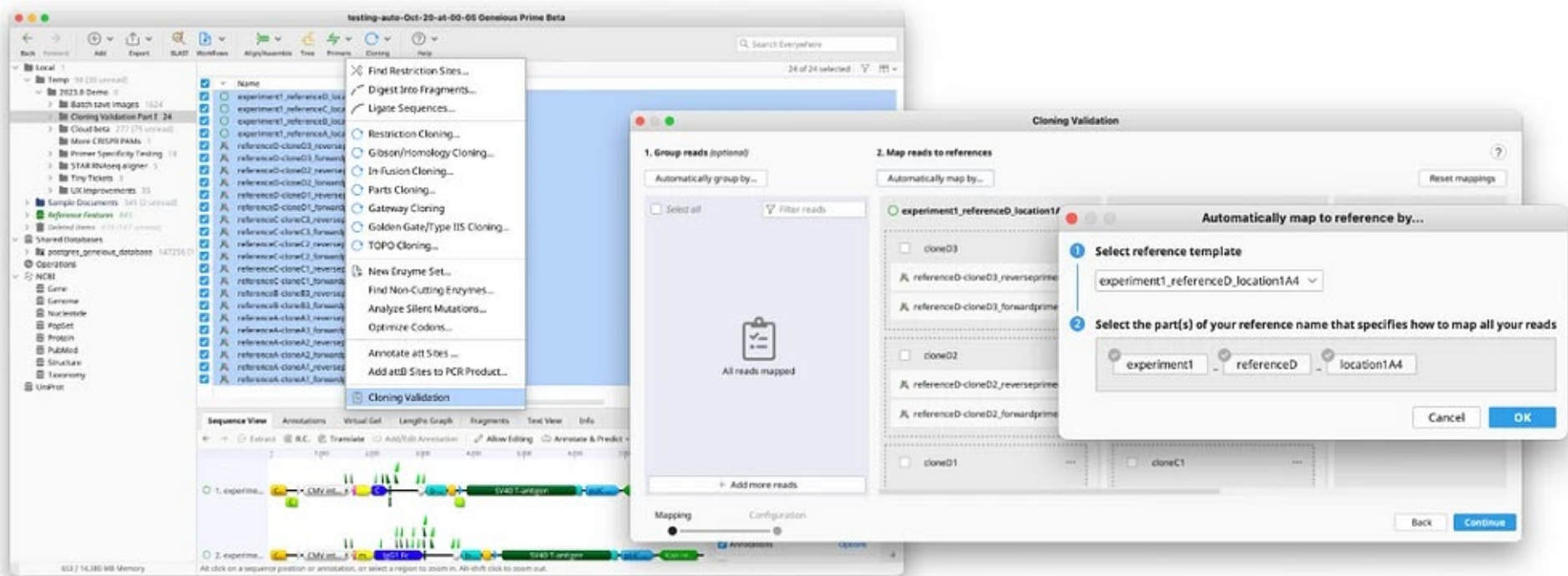
プライマー特異性テスト機能の搭載

The screenshot displays the Geneious Prime Beta interface. The main window shows a 'Nucleotide alignment' of 4 sequences: Human, Mouse, Polar bear, and Salamander. The 'Alignment View' is active, showing sequence alignments with green arrows indicating primer binding sites. A 'Design New Primers' dialog box is open, showing the 'Design New' task selected. The dialog includes options for 'Forward Primer', 'DNA Probe', and 'Reverse Primer'. The 'Specificity Testing' section is expanded, showing settings for 'Test against an off target database' (Nucleotide alignment (4 sequences)), 'Do not return primers that have: less than 2 mismatches to target, including 2 mismatches within 5 bp from the 3' end.', 'Ignore primers that have 6 or more mismatches to the target.', and 'Max off target amplicon size: 4,000'. The 'Design primers on:' dropdown is set to 'Every Sequence'.

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 and accurate RNA-seq aligner
If you publish results, please cite: doi:10.1093/bioinformatics/btad005
Note: Paired reads can be set up in the options dialog.

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

Save in sub-folder
Save contigs
Save consensus sequences Options

Trim Before Mapping

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

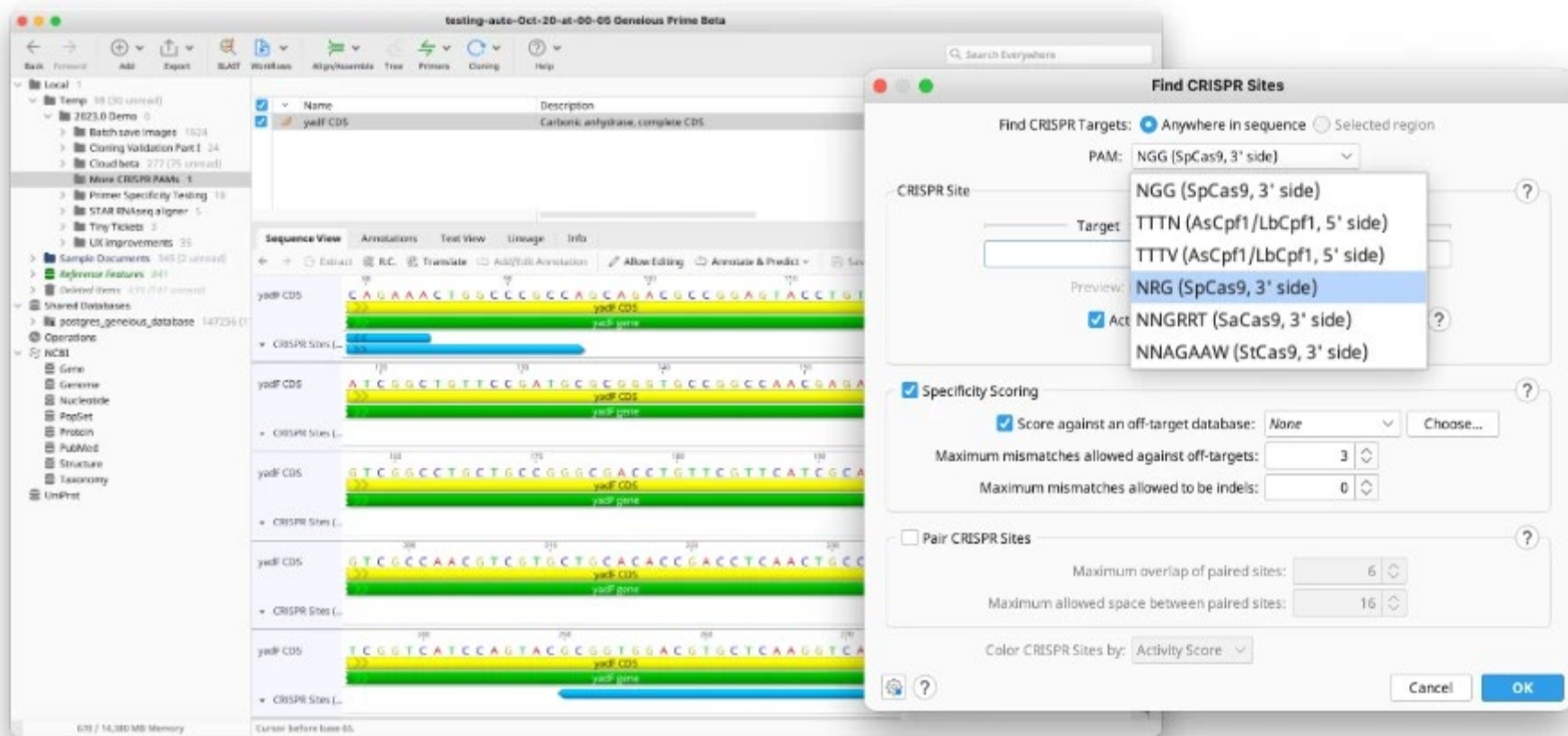
More Options

Cancel OK

Name	Type	Minimum	Maximum	Length	# Intervals	Direction
junction 7023	junction	48,067,845	48,273,159	2	2	none
junction 7022	junction	48,067,897	49,179,104	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