



# geneious

## バイオインフォマティクス 解析ソフトウェア Geneious Prime

Geneious Prime による直感的でユーザーフレンドリーな配列解析が、  
バイオインフォマティクスをより身近なものにします。



### 分子生物学実験のシミュレーション

- 制限酵素法、ゲートウェイ法、ゴールデンゲート法、インフュージョン法など、様々なクローニング法をシミュレーション可能です。
- PCR およびシーケンス反応で使用するプライマーをデザインしシミュレーションすることができます。
- CRISPR ツールで、ターゲットの編集サイトの検索、ガイド RNA の設計、編集結果の解析を行うことができます。

### サンガーシーケンス法の解析

- シンプルかつ簡単な編集により、マッピング精度の向上と解析時間の短縮を実現します。
- 自動アノテーション機能により、遺伝子予測、モチーフ、アミノ酸翻訳、変異体検出が容易になります。
- マイクロサテライトの遺伝子型を特定し、対立遺伝子のテーブルを作成することが可能です。

### NGS データの前処理、アセンブリの構築、マッピング

- 自動アノテーション機能により、遺伝子予測、モチーフ、アミノ酸翻訳、変異体検出が容易になります。
- マイクロサテライトの遺伝子型を特定し、対立遺伝子のテーブルを作成することが可能です。

### 次世代シーケンスの解析

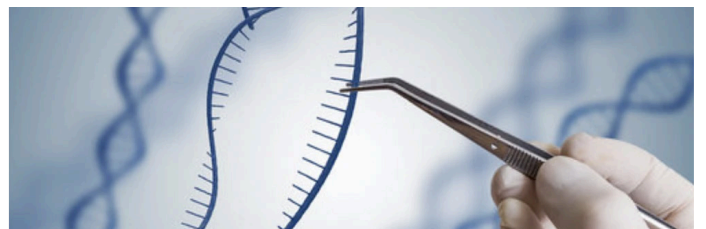
- アノテーション済みのゲノムやアセンブリを可視化します。シーケンスビューのカスタマイズも可能です。
- 一塩基多型の解析でアルゴリズムを選択できます。外部のプライプライムやプロバイダからのバリエーションコールも利用可能です。
- RNA-Seq の発現解析は、プログラミング言語 R の専門知識を必要としません。

### NCBI データベースの利用と BLAST 検索

- NCBI の主要なデータベースから、文献、DNA、タンパク質の配列情報を迅速に検索することが可能です。
- NCBI データベースの配列に対して BLAST 検索を行い、その結果を Geneious に反映させることができます。
- ゲノム、フィーチャー、プライマートレースなどの配列を GenBank に登録することができます。

### アライメントと系統樹作成

- MAFFT や Clustal Omega などのアルゴリズムを用いて、DNA やタンパク質のペアワイズおよびマルチプルアライメントを実行できます。
- RAxML や PAUP などのアルゴリズムを使用して系統樹を作成することができます。



商品詳細や価格やライセンスに関しましては正規代理店・エムデーエフのウェブサイトをご参照下さい。

[www.mdf-soft.com/geneious](http://www.mdf-soft.com/geneious)

# 研究を支える強力なバックボーン



## データマネジメント

シームレスに統合された共有データベースがプロセスの効率化を実現します。GenBank、SnapGene、FASTQ を含む多くのファイルフォーマットをドラッグ&ドロップでインポート/エクスポートすることができます。



## カスタマイズ

Geneious Prime の機能を拡張するための各種プラグイン(アセンブリー、アラインメント、系統樹作成など)が用意されており、既存のシステムとの統合や独自のカスタムアルゴリズムの追加も可能です。



## 自動化

内蔵されたワークフローを使用することでエラーを減らすことができます。また、外部データベースの検索を自動化することで、ゲノム・配列・タンパク質構造などの最新情報を継続的に入手することも可能です。

## Geneious 機能詳細

### NGS データの前処理

- Illumina・PacBio・NanoPore のデータをインポート
- Trim・filter・demultiplex (single-end data と paired-end data どちらでも可)
- オーバーラップする paired reads をマージ
- De-duplicate (重複除外)
- エラーの補正と標準化
- キメラ領域 (低オーバーラップ領域) を除去

### マッピングアセンブリと de novo アセンブリ

- マッピングアセンブリと de novo アセンブリのアルゴリズムの変更
- サンガーおよび NGS (Illumina, PacBio and Oxford Nanopore など) のデータのアセンブリをサポート
- 微生物、プラスミドなどの環状ゲノムの編集 MAUVE (コマンド入力の知識・技術不要の配列比較ツール)
- Minimap2 などのマッパーによるデータをのアセンブル・マッピング
- Geneious オリジナル、Tadpole、Velvet などに対応した De novo アセンブリのアルゴリズムを搭載

### シーケンス解析

- サンガー法のシーケンス編集や解析
- 塩基の修整やコンセンサス配列の検出
- 遺伝子や構造の予測
- 相同性検索によるリアルタイムのアノテーション
- 選択した任意の領域のみの翻訳、アノテーションや選択したフレームの翻訳
- 等電点 (pI)、分子量、融点、アミノ酸組成などのグラフと統計情報の表示

### アラインメント

- 全ゲノムのアラインメントを含む、DNA・タンパク質のペアワイズおよび多重配列アラインメント
- MAFFT、Clustal Omega、MUSCLE など幅広いアルゴリズムを搭載しているため、塩基・アミノ酸どちらでもアラインメントが可能
- アラインメントした塩基配列の翻訳とハイライト機能

### 変異検出や発現量解析

- 変異・SNPs 検出
- ゲノムデータと同期した表形式の結果のフィルタリング
- マッピング後の発現量解析
- 主成分分析やボルケーノプロットの描画

### 遺伝子クローニング

- プラスミドマップの可視化、任意ベクターの自動アノテーション、アノテーション付き配列のコピー&ペースト機能
- Golden Gate 法および制限酵素法によるクローニングシミュレーション
- Gibson・GeneArt・In-Fusion などを使ったシームレスクローニングのシミュレーション
- TOPO クローニング
- クローニング操作の履歴追跡
- コドンオプティマイズと逆翻訳機能
- CRISPR-Cas9 システムのシミュレーション
- PCR・制限酵素処理・ライゲーションのシミュレーション

### マイクロサテライト解析

- ABI トレースファイルのインポート機能
- ピークの調整やトリミング機能
- ピークをアレレルごとに分類
- アレレル検出結果の表形式での出力

### 系統樹解析

- UPGMA、MrBayes、PAUP、PhyML、GARLI、RAxML など、さまざまなアルゴリズムを使って系統樹作成が可能
- 作成した系統樹の編集機能
- 各要素間の距離の可視化
- 論文等の掲載に有用な高品質の描画機能

### プライマーの作成

- 任意のターゲット領域 (または配列全体) に対して、PCR 用・シーケンス用のプライマーやハイブリダイゼーションプローブを自動的にデザイン
- 配列データにプライマー情報の追加
- 通常の PCR および degenerate PCR のプライマーデザイン
- プライマー配列の編集 (追加・削除) も可能
- ターゲット配列上で他のアニーリング部位の無をチェックするプライマー特異性試験
- 物理的特性、ヘアピン構造、プライマーダイマーなどのスクリーニング
- プライマー情報を FASTA、スプレッドシート、GenBank フォーマットにドラッグ&ドロップで追加可能

### 検索と BLSAT 機能

- NCBI の BLAST データベースへの直接アクセス
- 任意のデータベースを作成する BLAST の実行
- GenBank や UniProt などの NCBI 外のデータベース検索
- GenBank へのシーケンスをアップロード
- PubMed での文献検索
- GenBank フォーマットへのドラッグ&ドロップによる追加



## Geneious Prime 一般

商品コード：GEPECO  
価格：386,980円 (税込)

## Geneious Prime アカデミック版

商品コード：GEPEAC  
価格：120,010円 (税込)

グループサブスクリプションの価格は弊社ウェブサイトをご参照下さい。または、必要シート数を明記の上弊社までお問い合わせ下さい。

## エムデーエフのユーザー特典

**Geneious ステップバイステップガイド**：開発元である Biomatters 社のリソースをベースに作成した弊社オリジナルのオンラインガイドをご利用頂けます。

**テクニカルサポート**：エムデーエフよりご購入頂いたライセンスであれば、日本語による無料テクニカルサポートを、新規購入または更新後 1 年以内であれば何度でもご利用できます。

Geneious Prime に関するお問い合わせ・お見積依頼はこちらから  
有限会社エムデーエフ TEL：03-5848-6225 MAIL:sales@mdf-soft.com