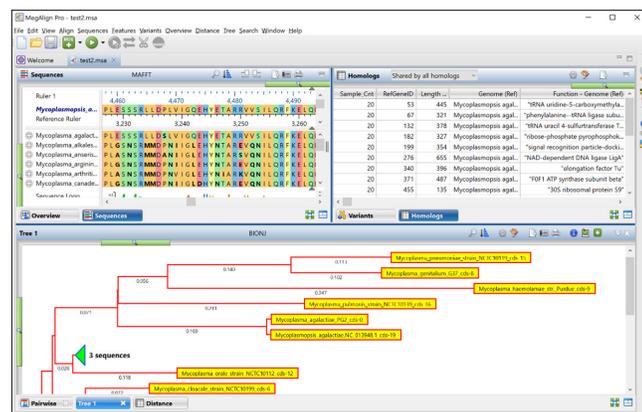


多重配列アライメントおよび系統解析

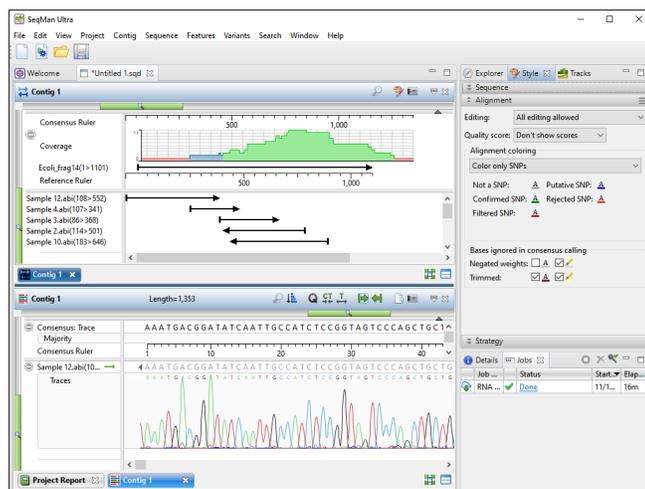
- Clustal Omega、Clustal W、MAFFT、MUSCLE、またはMauveを使用してDNA、RNA、またはタンパク質をアライメントさせる
- 細菌ゲノムまたは真核染色体における遺伝子相同性を解析する
- cDNA配列を染色体にアライメントさせる
- ゲノム株全体の変異を評価する
- Neighbor Joining (BIONJ)、最尤を含む4つの一般的なアルゴリズムを使用してツリーを計算する。RAxML と RAxML-NG、および IQ-ツリー



アライメントビュー、バリエーションテーブル、系統ツリービューの3つのインタラクティブビューを表示するMegAlign Proプロジェクト。

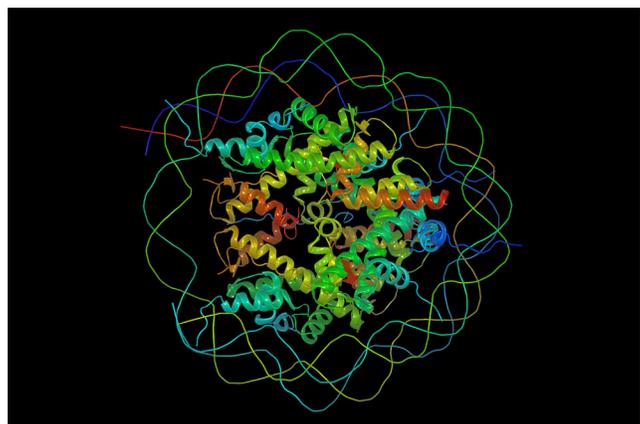
サンガーシーケンスのアセンブリと分析

- De novoまたは1つ以上の参照配列に対してリードを組み立てる
- リードアライメント、カバレッジ、SNPの評価
- サンプル全体のバリエーションを分析および可視化
- シーケンシングプライマーを設計してカバレッジを改善
- 手動または自動トリミングオプションを使用してトレースシーケンスを効率的にトリミング



SeqMan Ultra では、Sanger データを組み立てて分析できます。また、Lasergene ゲノミクスを使用して作成された NGS およびロングリードアセンブリのダウンストリーム分析も実行できます(下記を参照)。

**完全なバイオインフォマティクスソリューションには、以下を追加する。
Lasergene ゲノミクス および ラサルゲン タンパク質**



DNASTAR Lasergene には、ラサルゲン分子生物学の編集、分析、可視化ツールとシームレスに統合するゲノミクスおよびタンパク質分析ツールが含まれています。次世代シーケンシングまたはタンパク質データを扱う場合、当社の完全なDNASTAR Lasergeneパッケージは、すべてのバイオインフォマティクス分析ニーズに対して強力なツールと正確な結果を提供する。



608.258.7420 USA
866.511.5090 USAフリーダイヤル

0.808.271.1041 UK
0.800.182.4747 Germany

1202 Ann Street
Madison, WI 53713

www.dnastar.com
info@dnastar.com