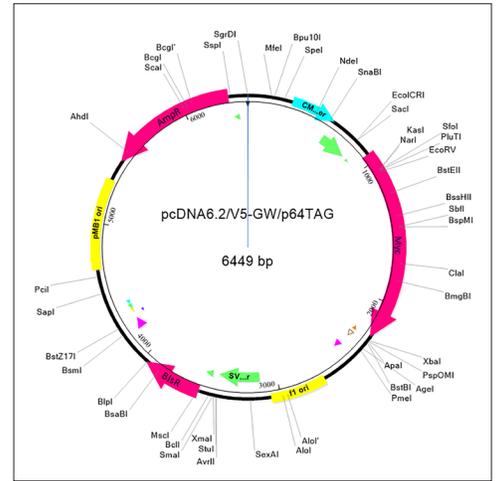
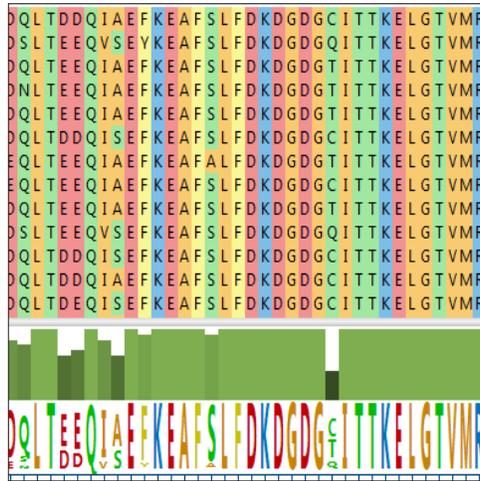
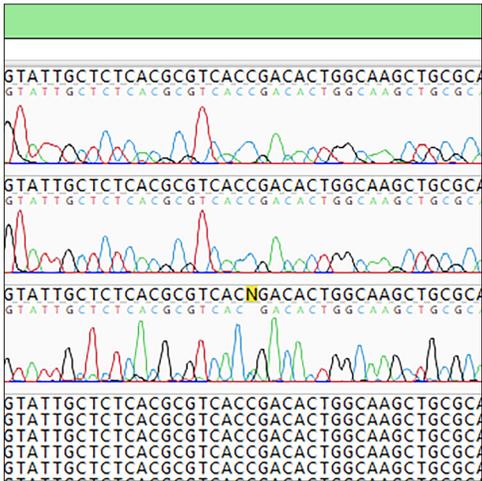


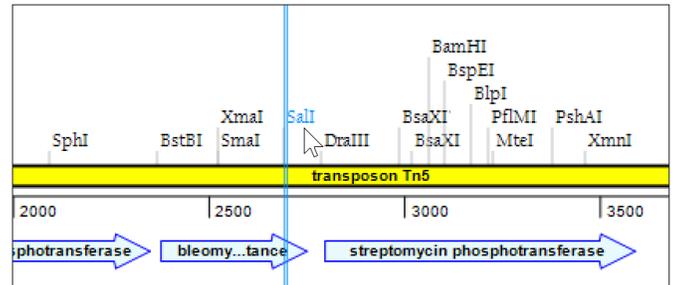
LASERGENE MOLECULAR BIOLOGY

서열 분석을 위한 필수 소프트웨어



종합 서열 분석

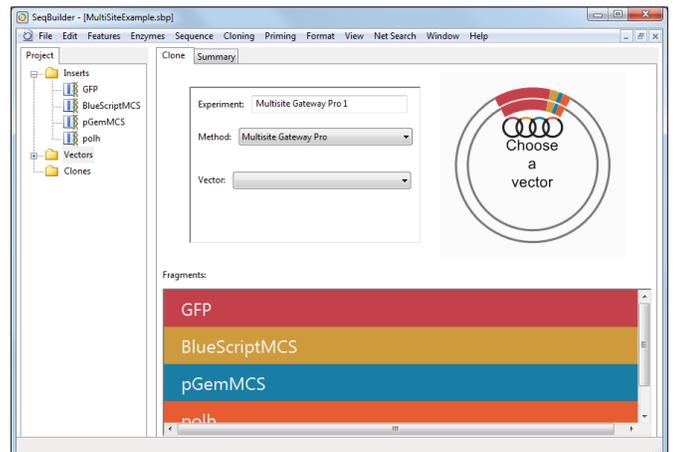
- 빠르고 정확한 서열 자동 주석 지정
- 서열 편집 및 유전자 발견
- 하나 또는 여러 개의 서열을 동시에 번역
- 아가로스 겔을 통한 이동 시뮬레이션
- 유연한 플라스미드 맵 생성



SeqBuilder Pro를 이용하면 제한 효소 부위의 겔모습과 유형, 기능, 번역 등을 사용자 정의할 수 있습니다.

프라이머 설계 및 가상 복제

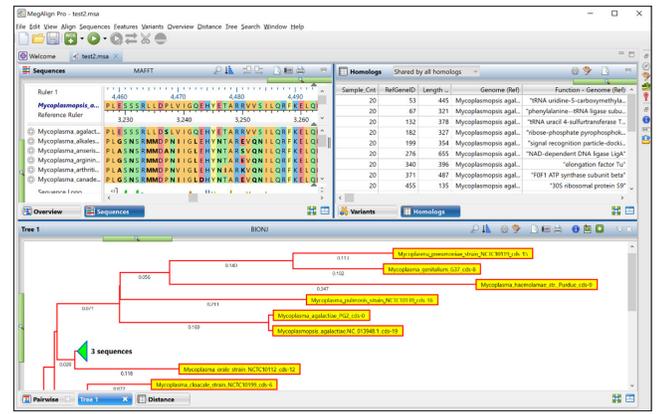
- Golden Gate, Gibson Assembly, InFusion, Gateway, Multisite Pro Gateway, TOPO 복제, TA 복제 및 제한 효소 기법을 포함한 모든 주요 복제 방법 사용
- 프라이머 및 프로브 설계 및 사용자 정의
- 프라이머 카탈로그 생성 및 공유



SeqBuilder Pro에는 간편하게 정밀하고 허터 없는 Golden Gate 클론을 설정하는 데 사용할 수 있는 마법사가 포함되어 있습니다.

다중 서열 정렬 및 계통발생학적 분석

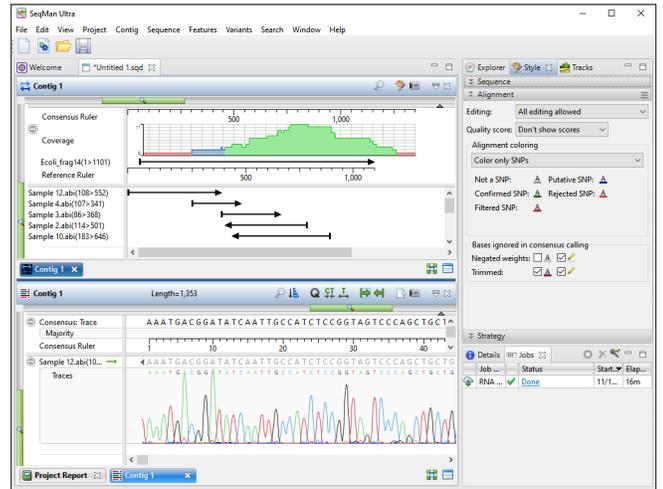
- Clustal Omega, Clustal W, MAFFT, MUSCLE, 또는 Mauve를 사용하여 DNA, RNA, 또는 단백질 정렬
- 세균 유전체 또는 진핵 염색체의 유전자 상동성 분석
- 염색체에 대한 cDNA 서열 정렬
- 유전체 균주 전반에 걸친 변이 평가
- BIONJ(Neighbor Joining), 최대 우도(Maximum Likelihood) 등 흔히 사용되는 네 가지 알고리즘을 사용한 트리 계산: RAxML 및 RAxML-NG, IQ-Tree



정렬 보기, 변이표, 계통수 보기 등 세 가지 대화형 보기를 제공하는 MegAlign Pro 프로젝트.

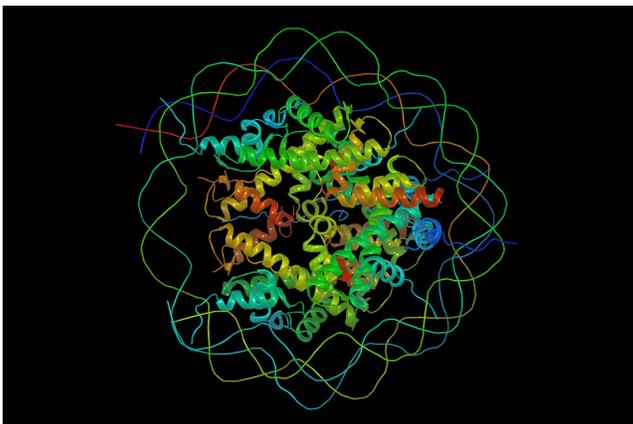
생어(SANGER) 서열 조립 및 분석

- 판독을 드노보(*de novo*)로 조립하거나 1개 이상의 참조 시퀀스에 대해 조립
- 판독 정렬, 적용 범위 및 SNP 평가
- 표본 간 변이 분석 및 시각화
- 적용 범위 개선을 위한 시퀀싱 프라이머 설계
- 수동 또는 자동 트리밍 옵션을 사용하여 트레이스 시퀀스를 효율적으로 트리밍



SeqMan Ultra를 사용하면 생어(Sanger) 데이터를 조립 및 분석할 수 있으며, Lasergene Genomics를 사용해 생성한 NGS 및 롱 리드 어셈블리에 대한 다운스트림 분석을 수행할 수도 있습니다 (아래 참조).

**완벽한 생물정보학 솔루션을 위해
Lasergene Genomics와 Lasergene Protein을 추가합니다.**



DNASTAR Lasergene에는 Lasergene Molecular Biology의 편집, 분석 및 시각화 도구에 매끄럽게 통합되는 유전체학 및 단백질 분석 도구가 포함되어 있습니다.

차세대 시퀀싱 또는 단백질 데이터로 작업하는 경우, 모든 생물정보학 분석 요구를 충족할 수 있는 강력한 도구와 정확한 결과를 제공해 드리는 당사의 DNASTAR Lasergene 풀패키지를 추천합니다.



608.258.7420 미국
866.511.5090 미국 수신자 부담

0.808.271.1041 영국
0.800.182.4747 독일

1202 Ann Street
Madison, WI 53713

www.dnastar.com
info@dnastar.com