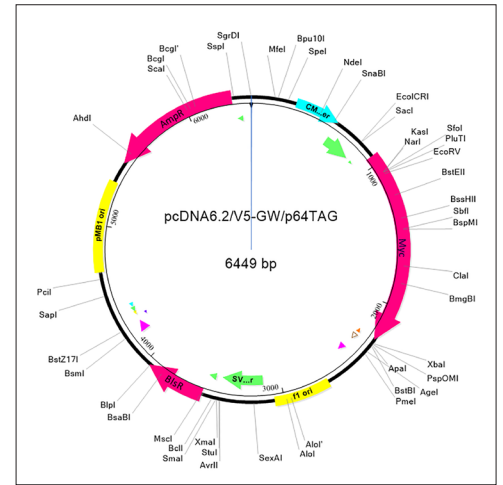
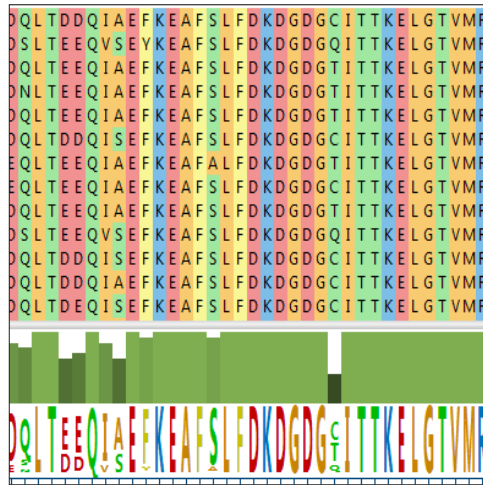
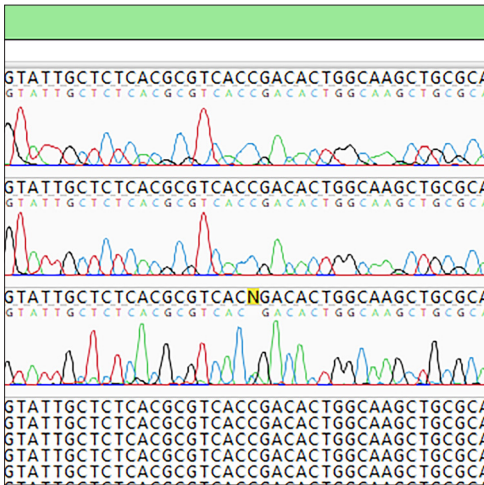


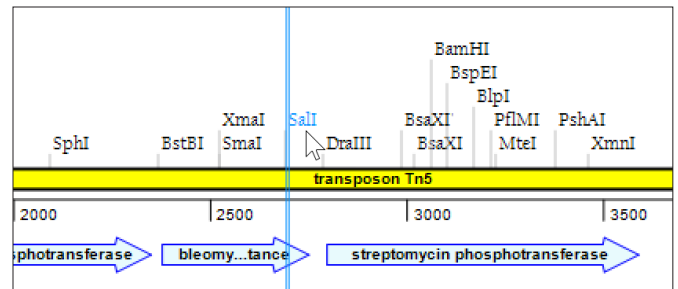
LASERGENE 分子生物学

序列分析的必备软件



综合序列分析

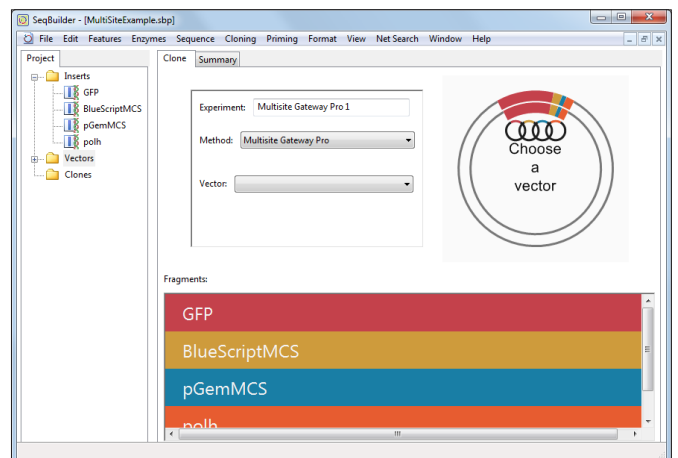
- 快速、准确地自动注释序列
- 编辑序列并发现基因
- 同时翻译一个或多个序列
- 模拟在琼脂糖凝胶中的迁移
- 创建灵活的质粒图谱



SeqBuilder Pro 允许您自定义限制性酶切位点、特征、翻译等的外观和类型。

引物设计与虚拟克隆

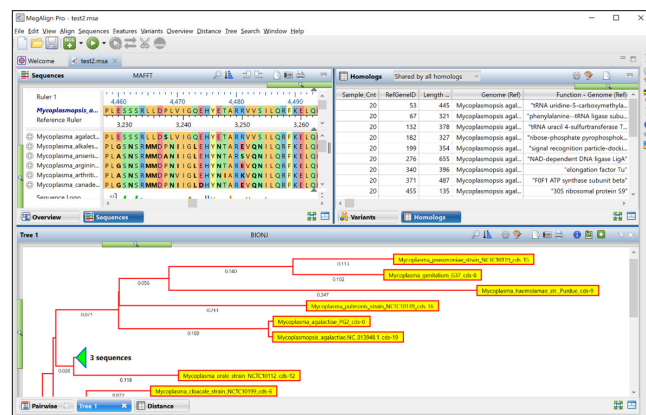
- 支持多种主要克隆方法, 包括 Golden Gate、Gibson Assembly、InFusion、Gateway、Multisite Pro Gateway、TOPO 克隆、TA 克隆和限制性酶切技术
- 设计和定制引物及探针
- 创建并共享引物目录



SeqBuilder Pro 提供了一个易于使用的向导, 用于设置精确且无痕的 Golden Gate 克隆。

多序列比对与系统发育分析

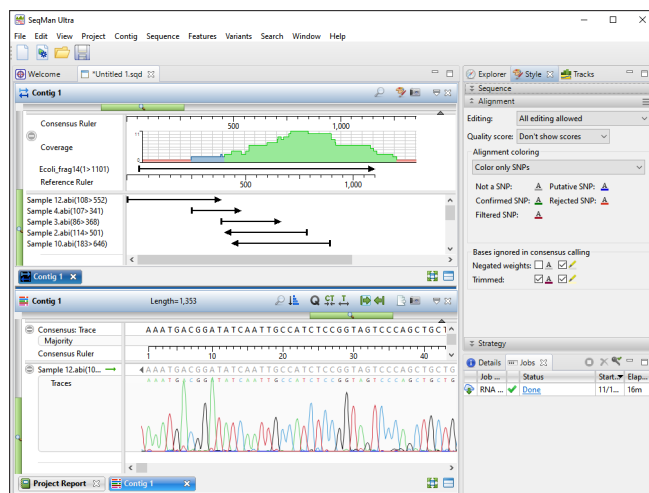
- 使用 Clustal Omega、Clustal W、MAFFT、MUSCLE 或 Mauve 比对 DNA、RNA 或蛋白质
- 分析细菌基因组或真核染色体中的基因同源性
- 将 cDNA 序列比对到染色体
- 评估基因组菌株间的变异
- 使用四种流行算法, 包括邻接法 (BIONJ)、最大似然法: RAxML 和 RAxML-NG, 以及 IQ-Tree, 来计算系统发育树



MegAlign Pro 项目展示了其三种交互视图: 比对视图、变异表和系统发育树视图。

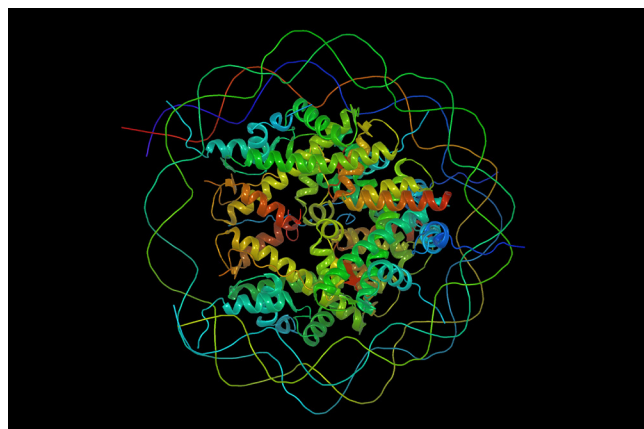
SANGER 测序组装与分析

- 从头组装或基于一个或多个参考序列组装读长
- 评估读长比对、覆盖度和 SNP
- 分析和可视化样本间的变异
- 设计测序引物以提高覆盖度
- 使用手动或自动修剪选项高效修剪测序轨迹



SeqMan Ultra 允许您组装和分析 Sanger 数据, 并可以对使用 Lasergene Genomics 创建的 NGS 和长读长组装进行下游分析 (见下文)。

有关完整的生物信息学解决方案, 请添加 Lasergene 基因组学和 Lasergene 蛋白质



DNASTAR Lasergene 包含用于基因组和蛋白质分析的工具, 与 Lasergene 分子生物学中的编辑、分析和可视化工具无缝集成。

如果您正在处理下一代测序或蛋白质数据, 我们的完整 DNASTAR Lasergene 软件包将为您提供强大的工具和准确的结果, 满足您所有的生物信息学分析需求。



608.258.7420 美国
866.511.5090 美国免费电话

0.808.271.1041 英国
0.800.182.4747 德国

1202 Ann Street
Madison, WI 53713

www.dnastar.com
info@dnastar.com