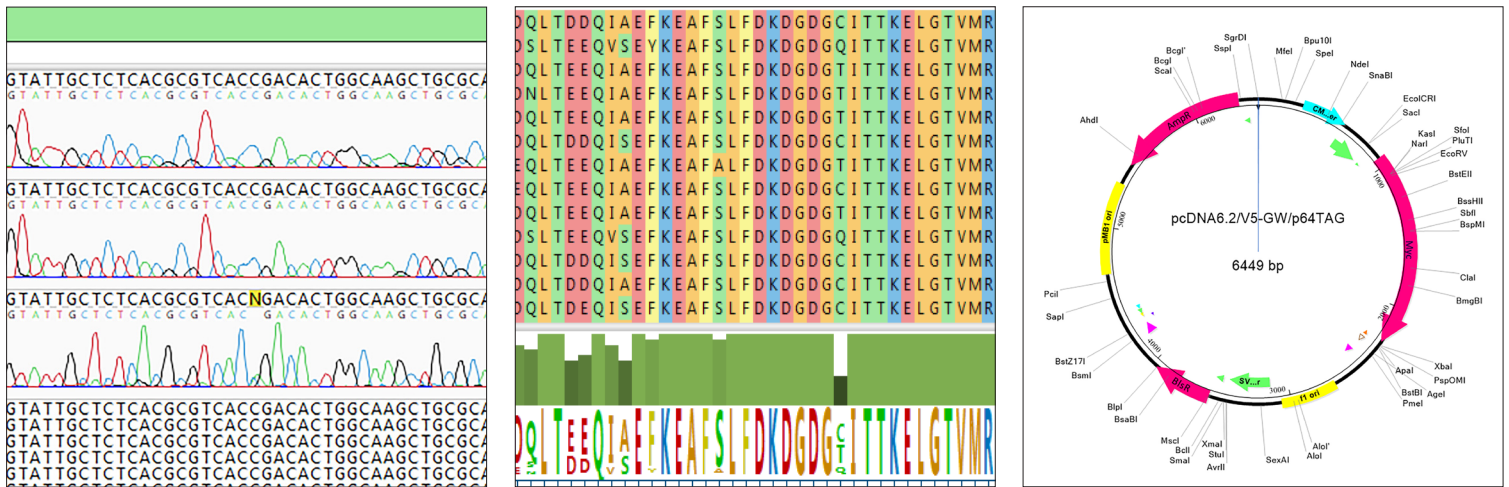


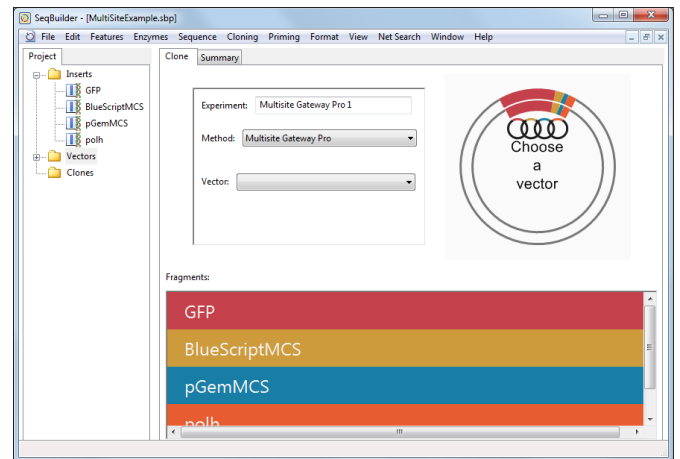
LASERGENE MOLECULAR BIOLOGY

序列分析的必备软件



综合序列分析

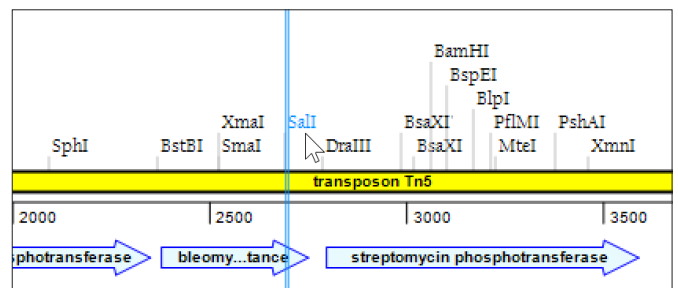
- 创建并组织序列数据库, 以实现极速的本地 BLAST 搜索
- 编辑序列并发现基因
- 同时翻译一个或多个序列
- 使用精选的注释数据库, 或创建并管理您自己的数据库, 以进行质粒自动注释
- 模拟在琼脂糖凝胶中的迁移
- 创建灵活的质粒图谱



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。

引物设计与虚拟克隆

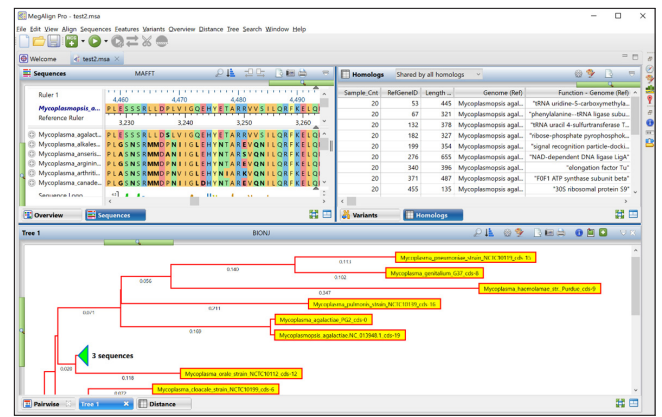
- 支持多种主要克隆方法, 包括 Golden Gate、Gibson Assembly、InFusion、Gateway、Multisite Pro Gateway、TOPO 克隆、TA 克隆和限制性酶切技术
- 设计和定制引物及探针
- 创建并共享引物目录



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

多序列比对与系统发育分析

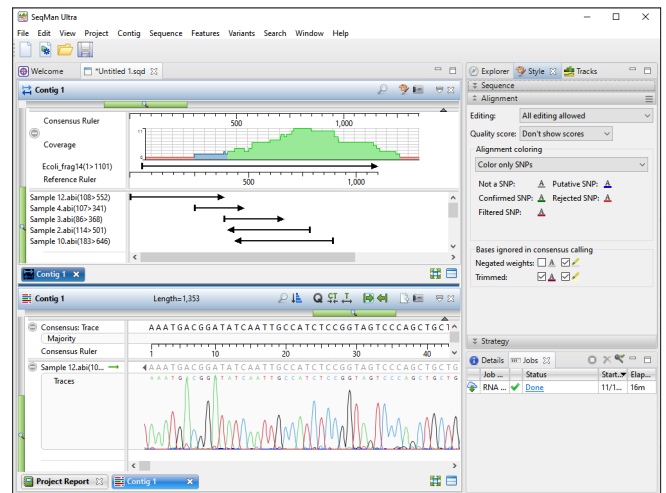
- 使用 Clustal Omega、Clustal W、MAFFT、MUSCLE 或 Mauve 比对 DNA、RNA 或蛋白质
- 分析细菌基因组或真核染色体中的基因同源性
- 将 cDNA 序列比对到染色体
- 评估基因组菌株间的变异
- 使用四种流行算法, 包括邻接法 (BJONJ)、最大似然法: RAXML 和 RAXML-NG, 以及 IQ-Tree, 来计算系统发育树



展示了三个交互式视图的 MegAlign Pro 项目: 比对视图、变异表和系统发育树视图。

SANGER 测序组装与分析

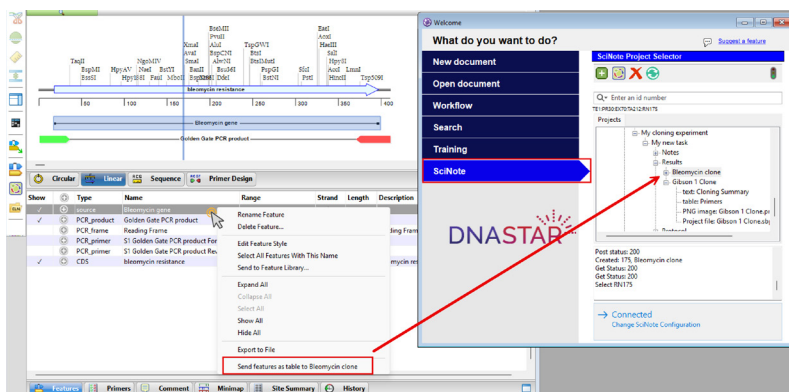
- 从头组装或基于一个或多个参考序列组装读长
- 评估读长比对、覆盖度和 SNP
- 分析和可视化样本间的变异
- 设计测序引物以提高覆盖度
- 使用手动或自动修剪选项高效修剪测序轨迹



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 和长读长组进行下游分析 (见下文)。

利用 SeqBuilder Pro + SciNote ELN 简化实验设计与文档记录

SeqBuilder Pro 现已与 SciNote 电子实验记录本 (ELN) 集成, 有助于简化数据管理、改善实验室内部及实验室间的协作, 并增强可追溯性。



在 SciNote 安全且符合合规要求的环境中, 无缝传输并管理 SeqBuilder Pro 数据。

此项集成功能适用于所有付费 SciNote 订阅用户, 将分子生物学工作流程与电子签名、审计追踪以及完善的项目文档管理有机结合。



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