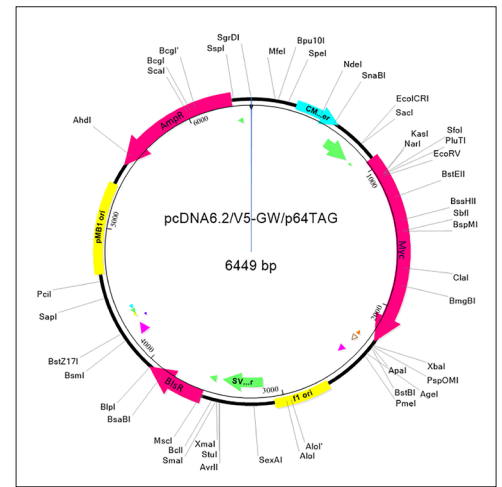
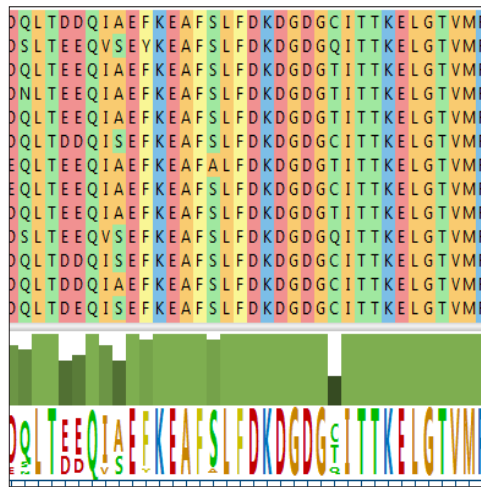


LASERGENE MOLECULAR BIOLOGY

分子生物学の配列解析に不可欠なソフトウェア

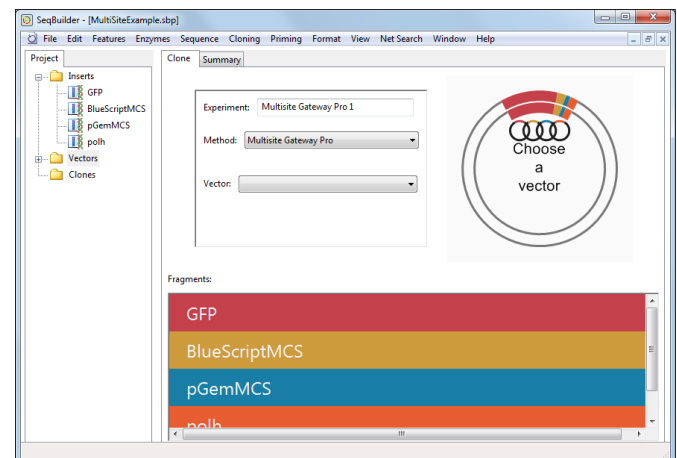


生物学的配列の包括的解析

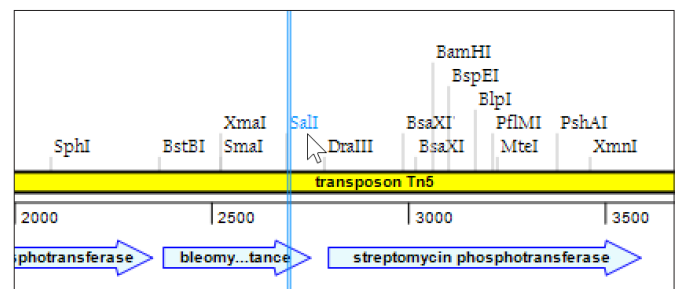
- 配列データベースを作成および整理して、超高速ローカル BLAST 検索が可能に
- シーケンスを編集し、遺伝子を発見
- 1つまたは複数のシーケンスを同時に翻訳
- 厳選されたアノテーションデータベースを使用するか、独自のデータベースを作成・管理して、プラスミドの自動アノテーションを実行
- アガロースゲル内での移動をシミュレート
- 柔軟なプラスミドマップを作成

プライマー設計と仮想クローニング

- 主要なクローニング手法 Golden Gate、Gibson Assembly、InFusion、Gateway、Multisite Pro Gateway、TOPO cloning、TA cloningや制限酵素技術を使用可能
- プライマーとプローブの設計・カスタマイズ
- プライマーカタログの作成と共有



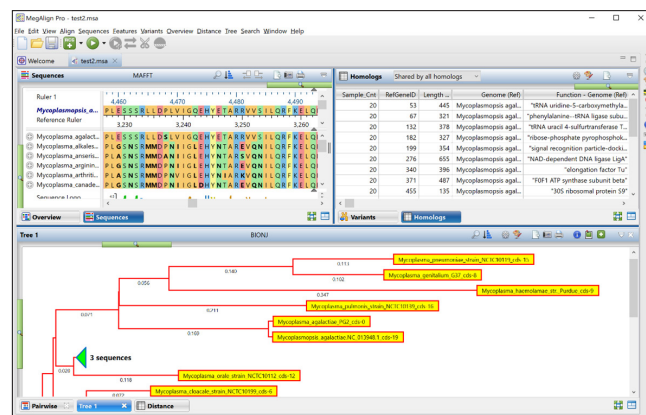
SeqBuilder Proは、精密でスカーレスなGolden Gateクローンの構築を簡単に行えるウィザードを提供します



SeqBuilder Proでは、制限酵素認識部位、フィーチャー、翻訳結果などの表示形式や種類をカスタマイズできます

多重配列アライメントおよび系統解析

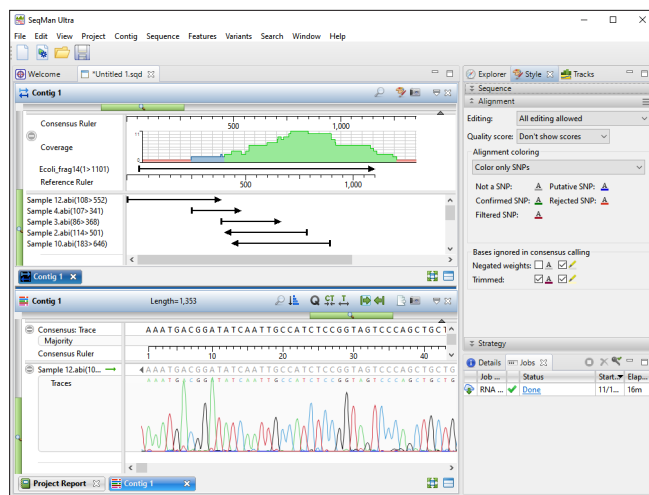
- Clustal Omega、Clustal W、MAFFT、MUSCLE またはMauveを使用してDNA、RNA、またはタンパク質をアライメント
- 細菌ゲノムまたは真核染色体における遺伝子相同性を解析
- cDNA配列を染色体にアライメント
- 全ゲノム配列にわたるDNA変異を評価
- 4つの代表的なアルゴリズムを使用して系統樹を計算: Neighbor Joining (BJNJ)、最尤法 (RAxML、RAxML-NGおよび IQ-Tree)



アライメントビュー、バリエーションテーブル、系統樹ビューの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

サンガー配列アセンブリと解析

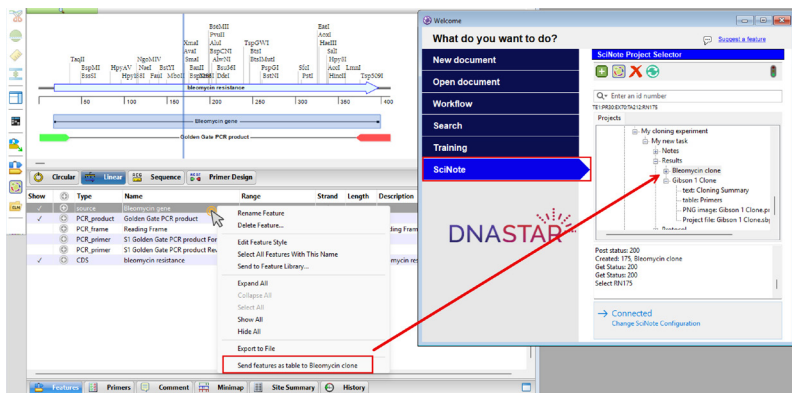
- 参照配列の有無にかかわらずシーケンスリードをアセンブル
- リードのアラインメント、カバレッジ、SNPを評価
- 複数サンプルにわたるバリエーションを解析・可視化
- カバレッジ向上のためのシーケンスプライマー設計
- 手動または自動トリミングオプションによるトレース配列の効率的なトリミング



SeqMan Ultraはサンガーデータのアセンブルと解析を可能にし、さらにLasergene Genomicsで作成されたNGSおよびロングリードアセンブリのダウンストリーム解析も実行できます

SeqBuilder Pro + SciNote ELN により、実験設計と記録を効率化

SeqBuilder Pro を電子実験ノート (ELN) 「SciNote」と連携できるようになりました。これにより、データ管理の効率化、研究所内外での共同作業の円滑化、およびトレーサビリティの向上が実現します。



SciNote の安全かつコンプライアンスに対応した環境で、SeqBuilder Pro のデータをシームレスに転送・管理できます。

SciNote のすべての有料プランで利用可能なこの連携機能は、分子生物学ワークフローと、電子署名、監査証跡、および強力なプロジェクト文書管理機能を統合します。



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