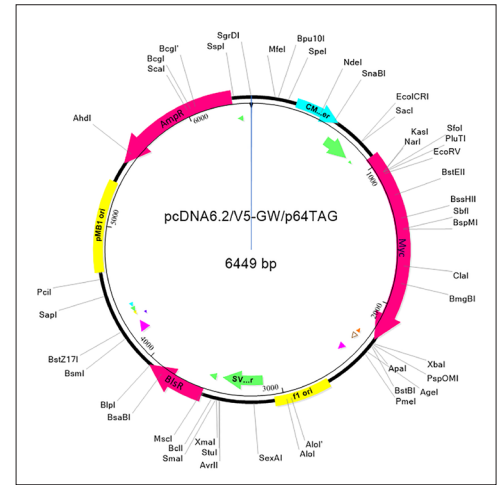
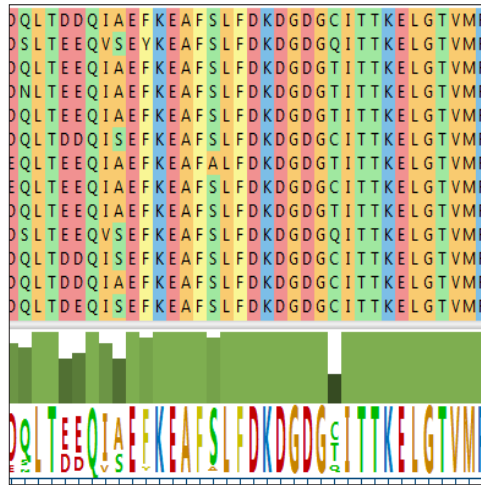


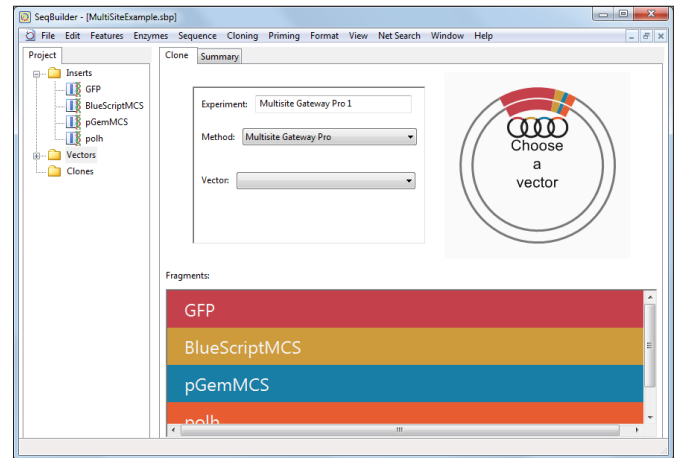
# LASERGENE MOLECULAR BIOLOGY

## 서열 분석을 위한 필수 소프트웨어



### 종합 서열 분석

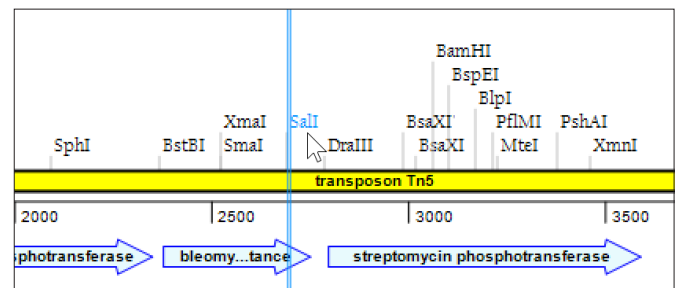
- 초고속 로컬 BLAST 검색을 위한 서열 데이터베이스 생성 및 구성
- 서열 편집 및 유전자 발견
- 하나 또는 여러 개의 서열을 동시에 번역
- 검증된 주석 데이터베이스 사용 또는 플라스미드 자동 주석을 위한 사용자 정의 데이터베이스 생성 및 관리
- 아가로스 겔을 통한 이동 시뮬레이션
- 유연한 플라스미드 맵 생성



SeqBuilder Pro에는 간편하게 정밀하고 허터 없는 Golden Gate 클론을 설정하는 데 사용할 수 있는 마법사가 포함되어 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 Pro를 이용하면 제한 효소 부위의 겔모습과 유형, 기능, 번역 등을 사용자 정의할 수 있습니다.

## 다중 서열 정렬 및 계통발생학적 분석

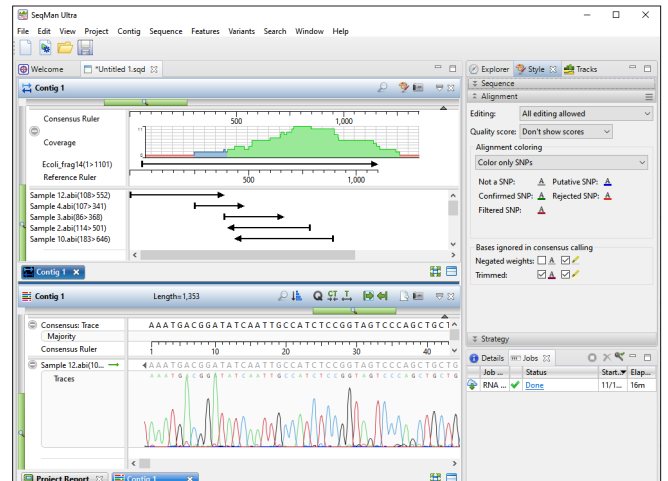
- Clustal Omega, Clustal W, MAFFT, MUSCLE, 또는 Mauve를 사용하여 DNA, RNA, 또는 단백질 정렬
- 세균 유전체 또는 진핵 염색체의 유전자 상동성 분석
- 염색체에 대한 cDNA 서열 정렬
- 유전체 균주 전반에 걸친 변이 평가
- BIONJ(Neighbor Joining), 최대 우도(Maximum Likelihood) 등 흔히 사용되는 네 가지 알고리즘을 사용한 트리 계산: RAXML 및 RAXML-NG, IQ-Tree



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

## 생어(SANGER) 서열 조립 및 분석

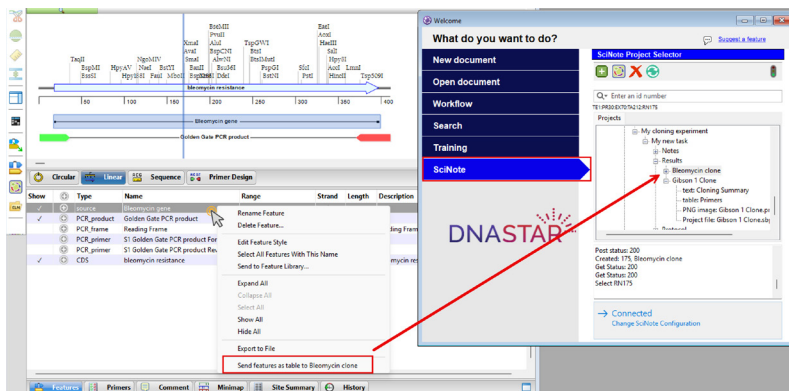
- 판독을 드노보(*de novo*)로 조립하거나 1개 이상의 참조 시퀀스에 대해 조립
- 판독 정렬, 적용 범위 및 SNP 평가
- 표본 간 변이 분석 및 시각화
- 적용 범위 개선을 위한 시퀀싱 프라이머 설계
- 수동 또는 자동 트리밍 옵션을 사용하여 트레이스 시퀀스를 효율적으로 트리밍



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.

## SeqBuilder Pro 와 SciNote ELN 으로 실험 설계 및 문서화 간소화

SeqBuilder Pro 는 이제 SciNote 전자실험노트(ELN)와 통합되어, 데이터 관리를 간소화하고 연구실 간 및 연구실 내 협업을 향상시키며 데이터 추적성을 강화합니다.



SciNote 의 안전하고 규정 준수를 지원하는 환경에서 SeqBuilder Pro 데이터를 원활하게 이전하고 관리할 수 있습니다.

이 통합 기능은 모든 유료 SciNote 구독 서비스에 제공되며, 분자생물학 워크플로와 전자 서명, 감사 추적, 강력한 프로젝트 문서화 기능을 결합합니다.



608.258.7420 미국  
866.511.5090 미국 수신자

0.808.271.1041 영국  
0.800.182.4747 독일

1202 Ann Street  
Madison, WI 53713

www.dnastar.com  
info@dnastar.com