

Software für DNA- und Protein-Analyse				Produktübersicht	
Anbieter/Hersteller	Programm/Programmpaket	Kurze Beschreibung	Funktionen	Sonstiges, Besonderheiten, Allgemeines	Preis [EUR]
Active Motif Rixensart, Belgien www.timelogic.com Kontakt: Thomas Bygott Tel. +32 2 653 0001 tfsales@activemotif.com	DeCypher	Modulare Bioinformatik-Plattform bestehend aus FPGA Karten und optimierter Software zur schnellen Bearbeitung von Sequenzvergleichen durch BLAST, Smith-Waterman und HMM Analyse	Tera-BLAST, DeCypherSW, DeCypherHMM, GeneDetective	<ul style="list-style-type: none"> Skalierbare Module durch zusätzliche FPGA Karten und beschleunigte Cluster-Knotenpunkte ermöglichen die Entwicklung individueller Plattformen 	Auf Anfrage
	CodeQuest workstation	Basiert auf derselben FPGA Technologie wie DeCypher: die CodeQuest workstation m. 1-2 Beschleunigerkarten u. Modulen für alle vier Algorithmen erhältlich	Tera-BLAST, DeCypherSW, DeCypherHMM, GeneDetective	<ul style="list-style-type: none"> Kostengünstige und effektive Lösung für genomische Vergleiche im Hochdurchsatz Maßstab 	Auf Anfrage
Anagnostics Bioanalysis Linz, Österreich www.anagnostics.com Kontakt: Markus Jaquemar Tel. +43 676 9306818 m.jaquemar@anagnostics.com	hyseek	Primer und Probe-Design von DNA-Microarray Assays	Berechnung von kompletten Primer/Probe Sets in einem Durchlauf	<ul style="list-style-type: none"> Webbasiert 3' uniqueness Breite Palette von „host genomes“, Schmelzpunkte und Wahrscheinlichkeiten von Hairpins etc. 	Kostenloser Download
	hybiz	Generisches Assay-Design-Tool	Konfiguration des Array-Rasters u. dessen spätere Auswertung sowie des Assay-Prozesses. Temperaturprofile, Reagenzzugaben, Waschzyklen sowie Detektionsparameter u. Speicherung als Protokoll.	<ul style="list-style-type: none"> Höchste Flexibilität durch interaktive Programmschritte Anwendbar für alle Microarray-Formate 	Kostenloser Download
	hycon	Analyse- und Bedienssoftware für hybridcell-Technologie. Wird mit hyborg Microarray-System geliefert.	Komplette Steuerung und vollautomatische Abarbeitung von DNA- und Protein-Assays	<ul style="list-style-type: none"> Automatische Übernahme der Assayprotokolle aus hybiz Automatische Analyse der erzeugten Microarray-Scans Benutzergerechte Datenaufbereitung und -präsentation Bedienungsfreundlich, d.h. Minimierung von Einschulungsaufwand und Bedienungsfehlern 	Auf Anfrage
Biomatters Auckland, New Zealand www.biomatters.com www.geneious.com Kontakt: Karin Newport Tel. +64 9 379 5064 karin@biomatters.com	Geneious Pro	Integrated, cross-platform bioinformatics software suite for manipulating, finding, sharing, and exploring biological data such as DNA sequences or proteins, phylogenies, 3D structure information and publications. Its ease of use makes a wide range of bioinformatics tools accessible to any biologist.	Geneious features sequence alignment and phylogenetic analysis, contig assembly, primer design and cloning, access to NCBI and UniProt, BLAST, protein structure viewing, automated PubMed searching, and more. It also includes an API which allows third party developers to extend the software according to their own requirements. Geneious is grid-enabled, which means it is possible to submit large analysis jobs to a Supercomputing infrastructure and get results back in a fraction of the time it would take on a normal desktop computer.	<ul style="list-style-type: none"> Extremely easy to use Grid computing enabled Large number of tutorials and teaching material Great support team Fast development of new features 	Komplette Preisliste siehe Homepage
Biomol Hamburg www.biomol.de Kontakt: Oliver Theunissen Tel. +49(0)40-85326023 o_theunissen@biomol.de	SABiosciences RT ² Profiler PCR Array Data Analysis	Die integrierte webbasierte Software führt sämtliche Ct-Berechnungen zur Genexpressions-Profilierung auf Basis hochgeladener Raw-Ct-Werte-Tabellen von Real Time qPCR-Experimenten aus.	Scatter, Volcano, Cluster-gram, und Multi-group Plots. Schwellenwert-Bestimmung. Automatische Berechnung der Kontrollwerte.	<ul style="list-style-type: none"> Einfach zu benutzen Ohne Installation Immer aktuell Sicher Ergebnisse exportierbar 	Kostenlos
	SABiosciences GEArray Expression Analysis Suite	Diese webbasierte Software analysiert GEArray-Hybridisierungs-Daten und erstellt Genexpressionsprofile.	Bildanalyse, Daten-Auqise, Normalisierung, Datenauswertung, Diagramme (Scatterplot, Clustergram, K-Mean)	<ul style="list-style-type: none"> Kostenloser Probenmonat für bis zu 12 Analysen Ohne Installation Immer aktuell Automatische Annotation Ergebnisse exportierbar 	218,- (3 Mon.) 509,- (1 Jahr)
	AssayDesigns MultiBead Analysis Software	Für die Auswertung immunometrischer und kompetitiver MultiBead-Immun-Assays.	Erstellung von Standardkurven und Ermittlung von Probenkonzentrationen	<ul style="list-style-type: none"> Einfache Datenanalyse Einfacher Import von FCS und LMD-Dateien Export zu Excel und als pdf Flexibel Hohe Präzision 	Kostenlos
Bio-Rad Laboratories München www.bio-rad.com Kontakt: Tel. +49(0)89 31-884 177 TechSupportLSG.CE@bio-rad.com	Bio-Plex Manager 5.0	Class leading software for measuring xMAP protein and nucleic acid assays on Bio-Plex and other Luminex instruments	System control, validation, calibration and data analysis	<ul style="list-style-type: none"> Intuitive user interface Sophisticated data analysis tools Data export options e.g. to MS Excel, text, XML formats Workstation, desktop and multiple users licenses available Easy to use reports 	Auf Anfrage
	Microplate Manager 6.1	Sophisticated control and analysis software for iMark and xMark microplate readers	For end point and kinetic data analysis of colorimetric ELISAs, protein assays and UV quantification of protein and nucleic acids* (*xMark only)	<ul style="list-style-type: none"> Flexible template creation Comprehensive curve fit analyses Windows or Macintosh computer operating systems Complex Kinetic Analyses 	1.715,-
Entelechon Regensburg www.entelechon.com Kontakt: Tel. +49(0)941-9468360 info@entelechon.com	LETO gene optimization software	Software zur Genoptimierung für maximale Expressionsausbeute. Die Software ist Plattform unabhängig in Java programmiert und läuft auf Windows, Linux, Mac OS X und Solaris.	Simultane Optimierung mehrerer Parameter.	<ul style="list-style-type: none"> Optimierungsparameter: Codon usage, GC-Gehalt, mRNA Sekundärstruktur kryptische Splice Sites, polyA-Sites u.a. 	Auf Anfrage (Jahreslizenzen)
GATC Biotech Konstanz www.gatc-biotech.com Kontakt: Customer Service Tel. +49(0)7531-816068 customerservice@gatc-biotech.com	DNASTAR Lasergene v8.0	Umfangreiches Software-Paket bestehend aus 7 Modulen für DNA- & Protein-Sequenzanalysen	Contig-Assemblierung, SNP-Analyse, Erstellen von Plasmid-Karten, Virtuelles Klonieren, Primerdesign, Sequenzalignment, Proteinstruktur-Analyse, Sequenz-Annotation, BLAST- und ENTREZ-Textsuche	<ul style="list-style-type: none"> Verschiedene Dateiformate verwendbar Für Macintosh und Windows Netzwerklicenzen 	Ab 1.900,- (unbefristete Lizenz)
	DNASTAR SeqMan NGen v2.0	Neuste Software zur Assemblierung und Analyse von Next Generation Sequenzdaten (64-Bit)	Assemblierung von 454-, Illumina-, ABI SOLiD-, Helicos- und Sanger-Daten, Template- und de novo Assemblierung, SNP-Analyse	<ul style="list-style-type: none"> Hybrid- (Multiplattform-) Assemblierung Benutzerfreundliche Oberfläche Für Macintosh und Windows Netzwerklicenzen 	ab 4.900,- (unbefristete Lizenz)
	DNASTAR ArrayStar v3.0	Schnell zu lernendes Software-Paket für die Gen-Expressions-Analyse mit Visualisierungs- und Analyse-Funktionen	Transkriptom-Analyse, Identifizierung von Gen-Expressions-Mustern aus MicroArray – und NextGen Sequenzier-Experimenten	<ul style="list-style-type: none"> Kompatibel mit Dateiformaten aller gängigen Genexpressions-Microarray-Systeme RNA-Seq-Modul für Transkriptom-Analyse mit Next Generation-Sequenzierungsdaten Netzwerklicenzen verfügbar 	ab 1.500,- (unbefristete Lizenz)

„Mehr als nur Erbsenzählen“

Software für DNA- und Protein-Analyse				Produktübersicht	
Anbieter/ Hersteller	Programm/ Programmpaket	Kurze Beschreibung	Funktionen	Sonstiges, Besonderheiten, Allgemeines	Preis [EUR]
GATC Biotech (Forts.) Kontakt: siehe Seite 68	DNASTAR GenVision v2.0	Leistungsfähige Software zur Visualisierung großer und komplexer Genome in Publikationsqualität	Graphische Darstellung von Annotationen, Vergleichende Darstellung von Datensätzen	<ul style="list-style-type: none"> ■ Interface zu Lasergene ■ Für Macintosh und Windows ■ Plug-In für Adobe Illustrator verfügbar 	ab 900,- (unbefristete Lizenz)
Invitrogen Paisley, United Kingdom www.invitrogen.com Kontakt: Lora.Daisley@invitrogen.com	Vector NTI Advance V 11.0	Desktop DNA- und Protein-Analyse und Data Storage system: Unterstützt Sequence Analyse und Erstellung, Mapping und Design sowie Annotation, Darstellung und Datenverwaltung und Management	DNA-Protein Analyse Tools, Molecular Viewer und Sequence Alignment Tools, Primer Online Ordering, Orf-Clone Suchfunktion, In-silico Gateway & TOPO Klonierung, Restriktionsanalyse, Gelsimulation, Proteinstruktur und vieles mehr	<ul style="list-style-type: none"> ■ QuickStart Page, Clone2Seq: Klonierung v. 2 Fragmenten ■ VectorSelector: Auswahl von Klonierungs- & Expressions-Vektoren ■ ReGENerator: Gen-Design für Klonierung ■ Design eines Gens aus verschiedenen Komponenten ■ Vector NTI User Community vorhanden 	Auf Anfrage
iSentio www.isentio.com Kontakt: Bjarte Karlsen Tel. +47 982-19 588 bjarte.karlsen@isentio.com	RipSeq Mixed	For analysis of poly-microbial clinical samples	Analysis software that decodes mixed 16S rRNA gene electropherograms	<ul style="list-style-type: none"> ■ Identifies multiple bacteria in one sample ■ Significantly reduces time to identification ■ Identifies bacteria dead under transportation or antibiotic treatment ■ Identifies bacteria difficult to culture ■ Identifies bacteria for which standard phenotypic tests are not defined/validated 	Auf Anfrage
	RipSeq Dual Loci	For dual loci sequencing of clinical samples in a single tube	Analysis software that decodes mixed electropherograms, e.g. 16S rRNA and rpoB	<ul style="list-style-type: none"> ■ Two genes sequenced simultaneously in a single tube ■ Significantly reduces time for chromatogram analysis ■ Provides greater resolution to species ■ Eliminates the need for reflex testing 	Auf Anfrage
Molzym Bremen www.sepsitest-blast.de Kontakt: Claudia Disqué Tel. +49(0)421-6961620 disque@molzym.com	Sepsitest BLAST	Für die rasche Identifizierung von pathogenen Bakterien und Pilzen	Homologie- Algorithmus auf der Basis von kompletten 16S und 18S rRNA-Genen	<ul style="list-style-type: none"> ■ Mehr als 7.000 qualitätsgeprüfte Sequenzen ■ Nur kultivierte Spezies ■ Einfache Datenausgabe 	Freies Online-Tool Kostenlos
Mr. Gene Regensburg www.mrgene.com Kontakt: Tel. +49(0)941-5695322 mrgene@mrgene.com	Mr. Gene's Online Codon Usage Optimizer	Software zur Codon-Optimierung für die gebräuchlichsten Expressionssysteme.	Codon Gebrauch wird automatisch an den ausgewählten Zielorganismus angepasst. DNA Repeitionen und Sekundärstrukturen werden vermieden. Die unerwünschte Erzeugung von Restriktions-schnittstellen wird vermieden.	<ul style="list-style-type: none"> ■ Graphischer Vergleich der Codon Qualität und des GC-Gehalt Verlaufs vor und nach Optimierung ■ Je nach Expressionsorganismus werden Sequenzmotive welche die Expression behindern könnten vermieden ■ Plasmidmaps der klonierten, optimierten Sequenz können in-silico erzeugt werden ■ Keine Installation nötig, läuft online in jedem Browser 	0,35,-/bp (Optimierte DNA-Sequenzen)
Thomas Schödl gcua.schoedl.de Kontakt: thomas.gcua@schoedl.de	GCUA – Graphical Codon Usage Analyzer	Online Tool zur Analyse des Codon Gebrauchs.	Analyse der Codon Qualität eines Leserhamens. Vergleich der Codon Häufigkeitsverteilung eines Leserhamens mit der Codon Häufigkeitsverteilung eines Codon Usage Tables. Vergleich von zwei Codon usage Tables	<ul style="list-style-type: none"> ■ Ausgabe in html, und pdf Format ■ Sämtliche auf www.kazusa.or.jp/codon/ erhältlichen Codon Usage Tables können eingebunden werden ■ E-Mail Versand der Rohdaten des Vergleichs als csv-Datei z.B. zur Erstellung der Graphen in MS-Excel ■ Vergleich der relativen und absoluten Häufigkeiten 	Kostenlos