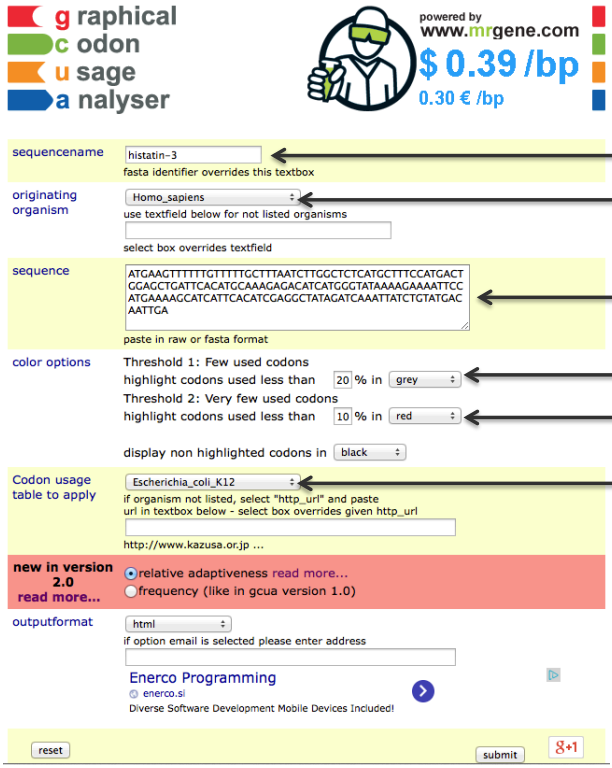
Graphical Codon Usage Analyser

"each triplet position vs. usage table"



ime zaporedja (poljubno)

izvorni organizem

zaporedje (SAMO KODIRAJOČA REGIJA)

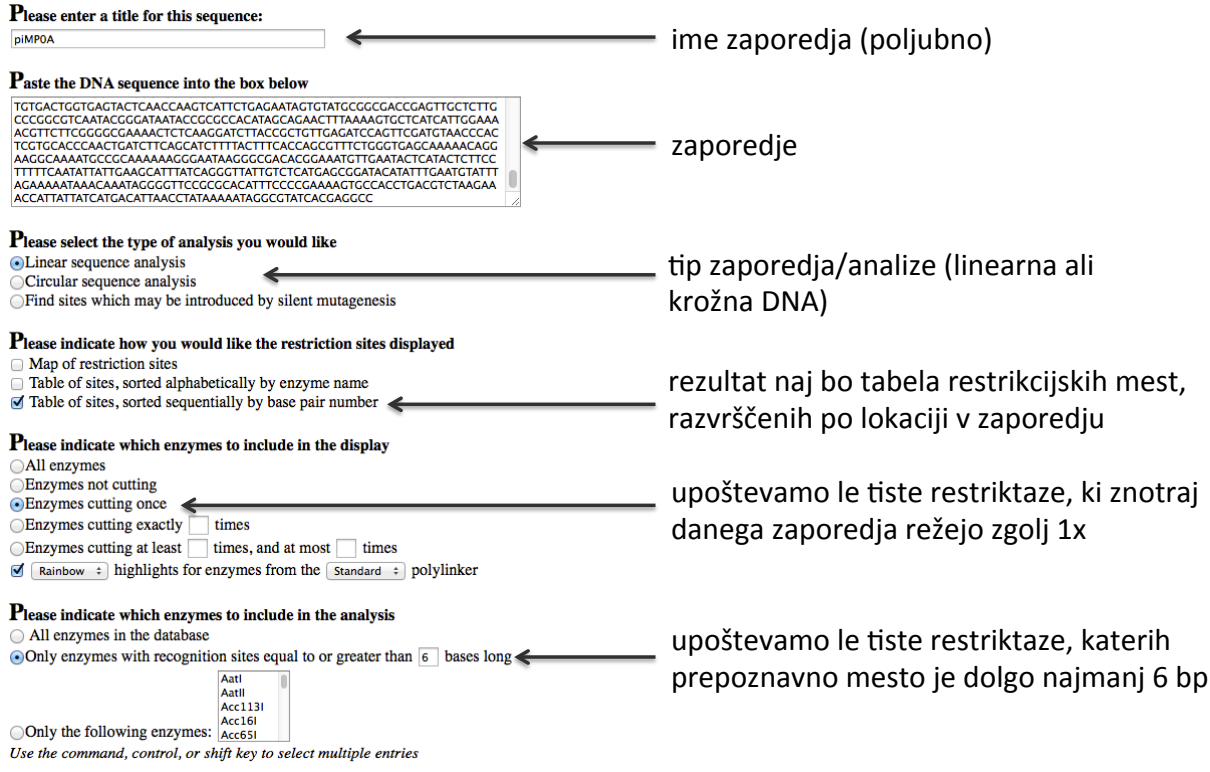
obarvanost za frekvenco < 20 %

obarvanost za frekvenco < 10 %

organizem, za katerega analiziramo rabo kodonov

Webcutter

Iskanje restrikcijskih mest – razvrstitev unikatnih mest po mestu rezanja



ime zaporedja (poljubno)

zaporedje

tip zaporedja/analize (linearna ali krožna DNA)

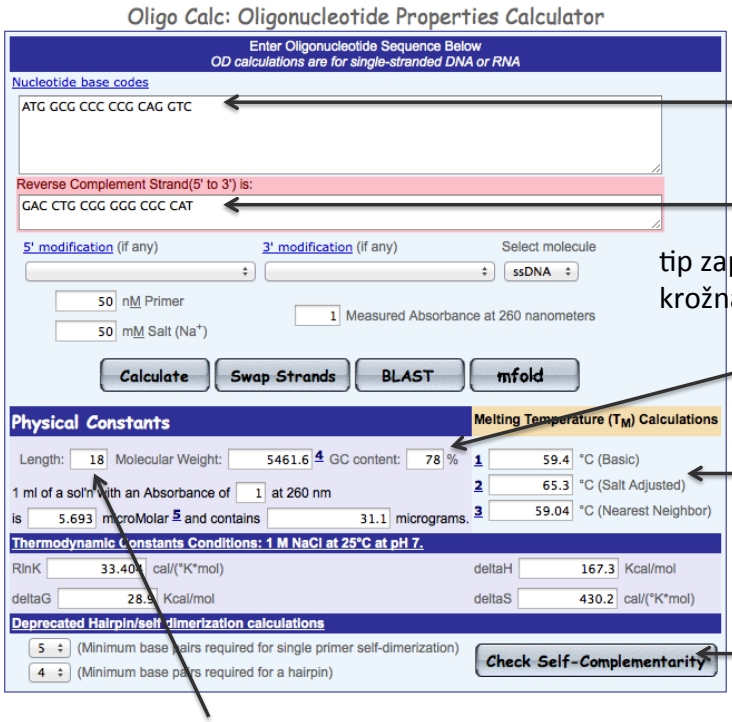
rezultat naj bo tabela restrikcijskih mest, razvrščenih po lokaciji v zaporedju

upoštevamo le tiste restriktaze, ki znotraj danega zaporedja režejo zgolj 1x

upoštevamo le tiste restriktaze, katerih prepoznavno mesto je dolgo najmanj 6 bp

OligoCalc

Načrtovanje začetnih oligonukleotidov



zaporedje oligonukleotida (5'→3')

obratno komplementarno zaporedje oligonukleotida (5'→3')

tip zaporedja/analize (linearna ali krožna DNA)

delež GC

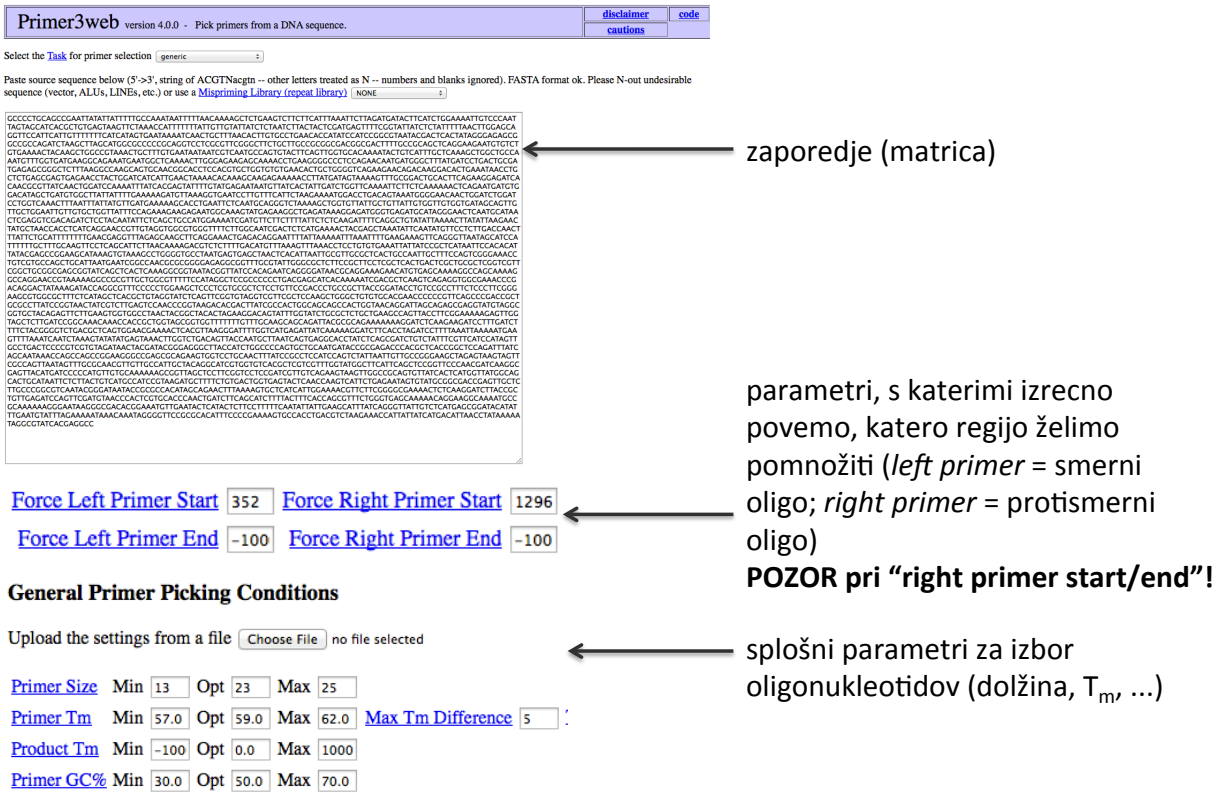
T_m (upoštevamo "*salt adjusted*")

preverimo tvorbo dimerov in sekundarnih struktur

dolžina oligonukleotida

Primer3

Načrtovanje začetnih oligonukleotidov



zaporedje (matrica)

parametri, s katerimi izrecno povemo, katero regijo želimo pomnožiti (*left primer* = smerni oligo; *right primer* = protismerni oligo)
POZOR pri "right primer start/end"!

splošni parametri za izbor oligonukleotidov (dolžina, T_m, ...)