

Extensions

- [DNA Annotator](#)
 - [Find Group of Annotated Regions](#)
 - [Plasmid Auto Annotation](#)
- [DNA Flexibility](#)
 - [Configuring Dialog Settings](#)
 - [Result Annotations](#)
- [DNA Statistics](#)
- [DNA Generator](#)
- [ORF Marker](#)
- [Remote BLAST](#)
 - [Primer-BLAST](#)
 - [Exporting BLAST Results to Alignment](#)
 - [Fetching Sequences from Remote Database](#)
- [BLAST](#)
 - [Creating Database](#)
 - [Making Request to Database](#)
 - [Fetching Sequences from Local BLAST Database](#)
- [Repeat Finder](#)
 - [Repeats Finding](#)
 - [Tandem Repeats Finding](#)
 - [Tandem Repeats Search Result](#)
- [Restriction Analysis](#)
 - [Selecting Restriction Enzymes](#)
 - [Using Custom File with Enzymes](#)
 - [Filtering by Number of Hits](#)
 - [Excluding Region](#)
 - [Circular Molecule](#)
 - [Results](#)
- [Molecular Cloning in silico](#)
 - [Digesting into Fragments](#)
 - [Creating Fragment](#)
 - [Constructing Molecule](#)
 - [Available Fragments](#)
 - [Fragments of the New Molecule](#)
 - [Changing Fragments Order in the New Molecule](#)
 - [Removing Fragment from the New Molecule](#)
 - [Editing Fragment Overhangs](#)
 - [Reverse Complement a Fragment](#)
 - [Other Constuction Options](#)
 - [Output](#)
 - [Creating PCR Product](#)
- [In Silico PCR](#)
 - [Primers Details](#)
 - [Primer Library](#)
- [PCR Primer Design for DNA Assembly](#)
 - [Backbone details](#)
- [Secondary Structure Prediction](#)
- [SITECON](#)
 - [SITECON Searching Transcription Factors Binding Sites](#)
 - [Types of SITECON Models](#)
 - [Eukaryotic](#)
 - [Prokaryotic](#)
 - [Building SITECON Model](#)
- [Smith-Waterman Search](#)
- [HMM2](#)
 - [Building HMM2 Model](#)
 - [Calibrating HMM2 Model](#)
 - [Searching Sequence Using HMM2 Profile](#)
- [HMM3](#)
 - [Building HMM Model](#)
 - [Searching Sequence Using HMM Profile](#)
 - [Searching Sequence Against Sequence Database](#)
- [uMUSCLE](#)
 - [MUSCLE Aligning](#)
 - [Aligning Profile to Profile with MUSCLE](#)
 - [Aligning Sequences to Profile with MUSCLE](#)
- [ClustalW](#)
- [MAFFT](#)
- [T-Coffee](#)
- [Bowtie](#)
 - [Bowtie Aligning Short Reads](#)
 - [Building Index for Bowtie](#)
- [Bowtie 2](#)
 - [Bowtie 2 Aligning Short Reads](#)
 - [Building Index for Bowtie 2](#)

- [BWA](#)
 - [Aligning Short Reads with BWA](#)
 - [Building Index for BWA](#)
- [BWA-SW](#)
 - [Aligning Short Reads with BWA-SW](#)
 - [Building Index for BWA-SW](#)
- [BWA-MEM](#)
 - [Aligning Short Reads with BWA-MEM](#)
 - [Building Index for BWA-MEM](#)
- [UGENE Genome Aligner](#)
 - [Building Index for UGENE Genome Aligner](#)
 - [Converting UGENE Assembly Database to SAM Format](#)
 - [Map NGS Reads with UGENE Genome Aligner](#)
- [CAP3](#)
- [SPAdes](#)
- [Weight Matrix](#)
 - [Searching JASPAR Database](#)
 - [Building New Matrix](#)
- [Primer3](#)
 - [Primer3 \(no target sequence\)](#)
 - [Posterior Actions](#)
 - [RTPCR Primer Design](#)
- [Spliced Alignment mRNA and cDNA](#)
- [External Tools Plugin](#)
 - [Configuring External Tool](#)
- [ClustalO](#)
- [Kalign Aligning](#)
- [GeneCut desktop](#)
- [mfold](#)