



CLC Microbial Genomics Module

Metagenome 분석과 MLST를 쉽고 간편하게

Key features

16s rRNA Analysis

- OTU clustering
- Alpha diversity
- Beta diversity
- PERMANOVA

Whole Metagenome Analysis

- De-novo assembly
- Gene Ontology term
- Pfam domain annotation

Typing and Epidemiology

- MLST
- SNPs tree
- K-mer tree
- Metadata management

CLC Microbial Genomics Module

CLC Microbial Genomics Module은 CLC Genomics Workbench 소프트웨어의 플러그인 모듈로서 미생물 군집 분석 및 분리된 미생물의 epidemiological typing까지 가능한 솔루션입니다. 미생물 군집 분석에 있어서는 OTU clustering, alpha/beta diversity, PERMANOVA 통계 분석이 가능하며 epidemiological typing을 위하여 MLST typing, SNPs tree, antimicrobial resistance 유전자를 밝힐 수 있는 툴 등이 포함되어 있습니다.

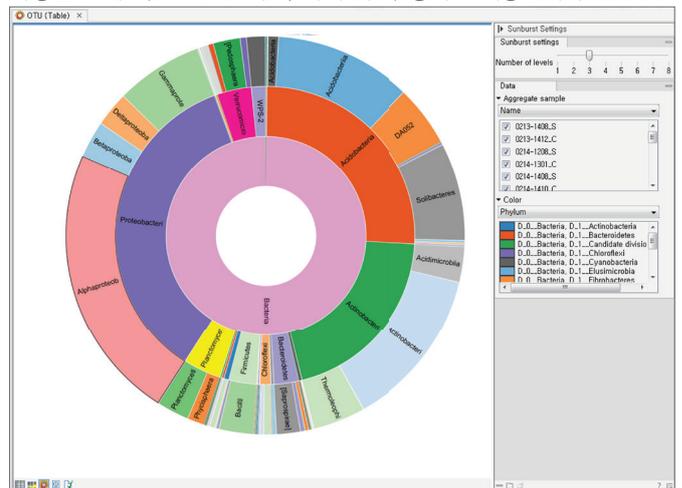


Expert-configured Workflow

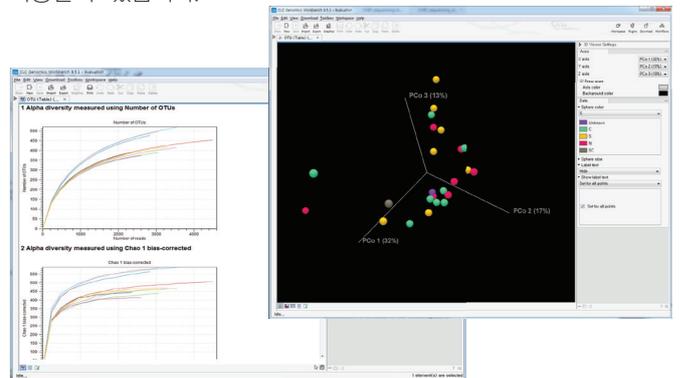
CLC Genomics Workbench 내 강력한 기능중에 하나인 workflow 기능을 활용하여 16s rRNA 분석 및 epidemiological typing 분석에 관련된 workflow가 세팅되어 있습니다. 시퀀싱 데이터 파일만 넣어주면 다양한 분석들이 자동으로 수행되어 간단하게 그 결과를 얻을 수 있습니다.

OTU Clustering

OTU clustering을 위한 SILVA, UNITE, Greengenes의 데이터베이스를 다운로드 받을 수 있으며, 사용자가 직접 데이터베이스를 만들어 분석을 수행할 수도 있습니다. 이러한 데이터 베이스가 별도로 없을 경우 de novo OTU clustering 역시 가능합니다. 결과는 테이블 정보와 다양한 그래프(sunburst 차트, 막대 차트) 형태로 제공됩니다.



미생물 생태계의 다양성을 보여주는 대표적인 분석 방법인 alpha diversity와 beta diversity를 제공하여 하나의 샘플에서 다양성을 확인할 것인지 샘플간의 다양성을 확인할 것인지에 따라 선택하여 사용할 수 있습니다.

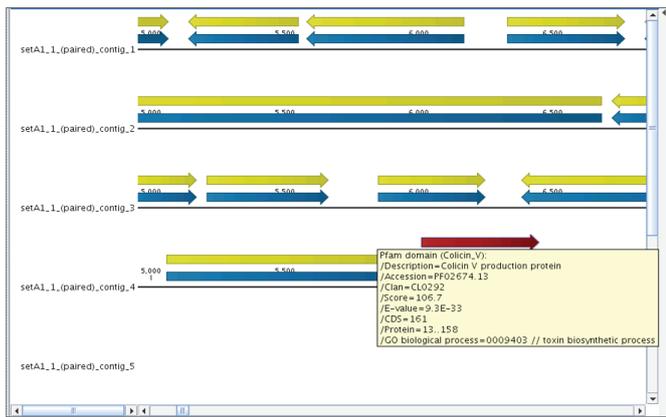


또한 MUSCLE 알고리즘을 이용한 alignment를 진행한 후 phylogeny tree도 확인할 수 있습니다.

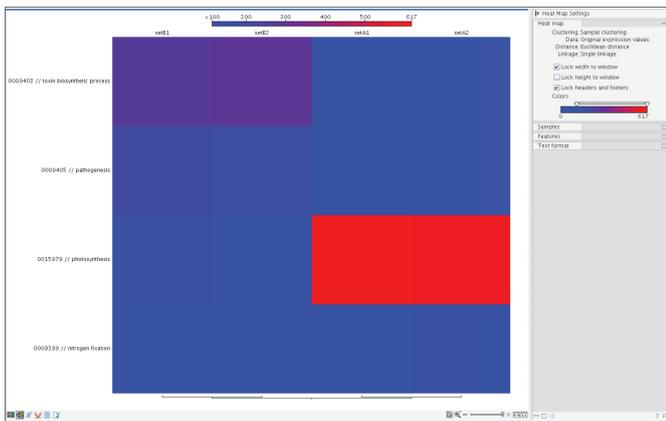
Whole Metagenome Analysis

현재까지 유전체 정보가 없어 유전자들의 기능이 밝혀져 있지 않은 생물을 대상으로 군집 분석과 그 기능을 밝히는 일은 매우 어려운 작업이지만 CLC Microbial Genomics Module에서는 생물정보학적 알고리즘을 통해 전문가들이 만든 구조화된 방법을 이용하여 쉽게 분석이 가능합니다. 먼저 metagenome 데이터의 de-novo assembly에 최적화된 de-novo assembly 툴을 이용하여 contig를 생성하고 CDS prediction* 후, Gene Ontology와 Pfam 데이터베이스를 이용하여 생물학적 기능을 할당할 수 있습니다.

* CDS prediction에는 별도의 플러그인 모듈이 필요합니다.



어떠한 Pfam 도메인과 Gene Ontology term이 annotation 되어 있는지 얼마나 많은 read가 해당 annotation에 매핑이 되어 있는지 heat map을 이용하여 샘플간의 차이를 한 눈에 확인할 수 있습니다.



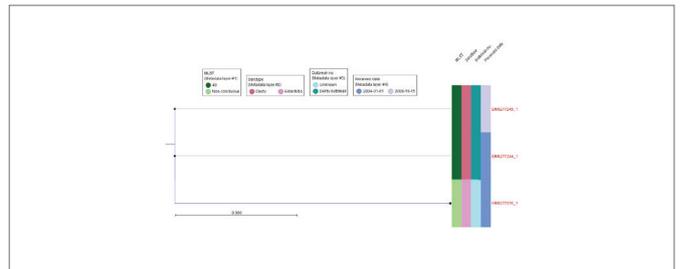
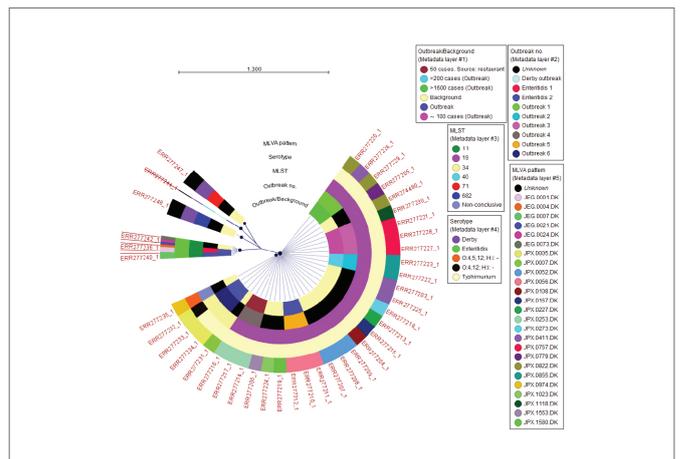
Typing and Epidemiology

Epidemiological typing 분석을 위하여 Antimicrobial resistance 유전자를 분석할 수 있도록 데이터베이스를 제공하고, MLST 분석을 위해 PubMLST나 MLST.net 등 다양한 데이터베이스로부터 MLST scheme을 다운로드하여 분석을 수행할 수 있습니다. 이러한 방법들로 박테리아의 분자 typing과 epidemiology analysis가 가능하며 기본적으로 제공되는 workflow들을 활용하여 원하는 분석이 클릭 몇 번만으로 가능합니다.

Workflows

- Map to Specified Reference
- Type Among Multiple Species
- Type a Known Species

또한 공통의 참조서열이 존재하는 경우에 reference mapping과 변이 분석까지 가능하여 SNP tree를 그릴 수 있으며, Jaccard Distance나 FFP 방법을 이용하여 k-mer tree를 그릴 수 있습니다. 또한 tree의 레이아웃이나 컬러 등 사용자가 원하는 대로 변경이 가능하여 필요한 figure를 작성할 수 있습니다.



소프트웨어 공급 서비스 문의
consulting@insilicogen.com

생물정보 분석 서비스 문의
codes@insilicogen.com

031.278.0061