

## FUNCTIONAL ANALYSIS

- Blast2GO annotation(GOs, COG, Enzymes, Domains)
- Enrichment analysis
- Visual exploration

## Blast2GO methodology

2005년에 처음 출판된 Blast2GO annotation 방법론은 현재 OmicsBox의 일부입니다. Blast2GO는 7,000개 이상의 연구 인용을 통해 과학계에서 국제적으로 인정받는 새로운 genome 분석을 위한 선도적인 생물정보학 플랫폼입니다.



## High-Throughput blast and InterProScan

CloudBlast 및 CloudInterProScan을 사용하여 선택한 reference 데이터 세트에 대해 빠른 sequence alignment 및 도메인 검색을 수행할 수 있습니다.

## Gene ontology mapping

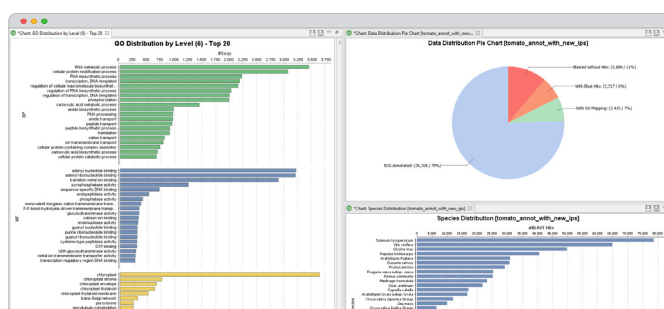
UniProt 및 Gene Ontology Consortia의 잘 정리된 최근의 데이터베이스에서 사용할 수 있는 functional annotation을 사용하여 잠재적인 homologs와 domain을 연결할 수 있습니다.

## Blast2GO annotation

Blast2GO 방법론을 사용함으로써, source annotation 품질 및 ontology 계층을 고려하여 가장 신뢰할 수 있는 기능 레이블을 새로운 sequence 데이터 세트에 유연하게 할당할 수 있습니다.

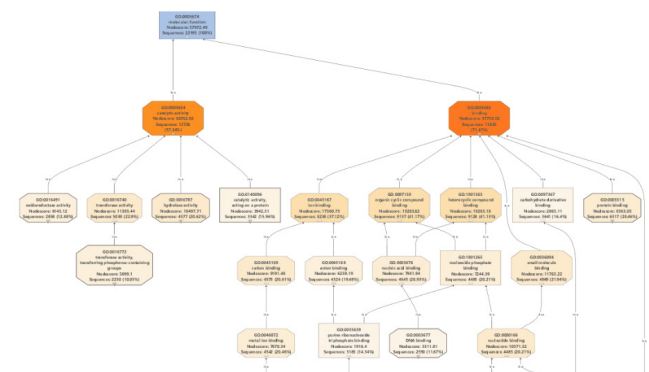
## Statistics

편리한 막대그래프 및 분포도는 분석의 모든 단계를 평가하여 데이터를 최대한 활용할 수 있도록 도와줍니다.



## Go graphs

Annotation을 GO 그래프로 시각화하여 개요를 파악하고, 그래프를 필터링하고 구체화하여 결론을 명확하고 깔끔하게 제시할 수 있습니다.



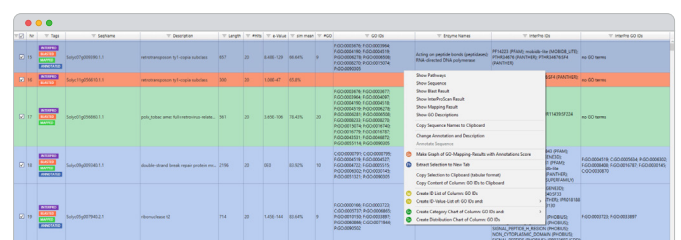
## Gene set enrichment analysis

편리한 histograms 및 분포 차트를 통해 분석의 모든 단계를 평가하여 데이터를 최대한 활용할 수 있습니다.



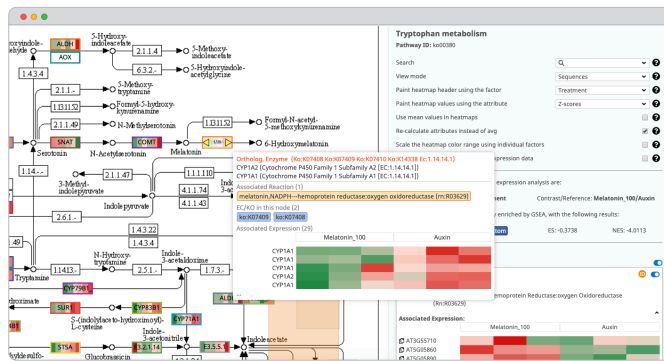
## Everything in one place

FASTA 파일을 로드하고 Blast2GO 방법론을 통해 단계별로 분석하여 고품질의 functional annotation을 얻을 수 있고, 모든 데이터를 한 곳에 저장하여 모든 분석 파라미터를 완벽하게 제어할 수 있습니다.



## Combined pathway analysis

모든 시퀀스 세트에 대해 여러 경로 데이터베이스에서 경로를 식별할 수 있습니다. 차등 발현 데이터와 함께 이 도구를 사용하면 경로 농축을 계산할 수 있고, 결과표를 사용하면 연결되고 차등적으로 발현되는 유전자가 있는 풍부한 경로를 필터링할 수 있습니다.



## Gene ontology annotation

예제 workflow는 클라우드 기반 알고리즘 (Blast, InterProScan, GO Mapping)을 사용하여 가장 완벽한 annotation 레이블을 얻는 전체 Gene Ontology annotation workflow입니다. 결과를 요약하기 위해 모든 단계에 대한 자세한 통계가 생성되며, InterProScan 결과의 annotation을 포함하여 세 가지 범주 (Biological Process, Molecular Function and Cellular Component)에 대한 결합한 그래프가 생성되고, 최종 프로젝트에는 모든 단계에서 생성된 데이터가 포함됩니다.

