

Key features

Genomics

- *De novo* assembly of any genome size
- Read mapping for reference genome
- Variant detection
- Support NGS hybrid assembly
- Visualization of genome information

Transcriptomics

- RNA-seq analysis
- Small RNA analysis
- Expression profiling by tags
- Gene expression analysis

Epigenomics

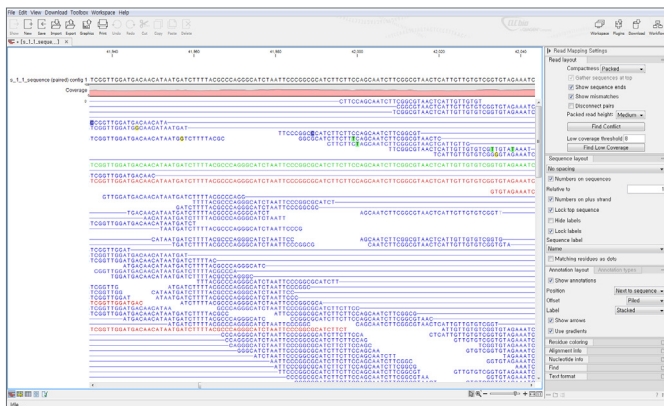
- ChIP-seq analysis
- Peak finding and peak refinement
- Case/control analysis

Support NGS multi platform

CLC Genomics Workbench는 GUI 기반의 NGS 데이터를 분석하기 위한 데스크톱 솔루션으로 기존 sanger 방식의 시퀀싱 데이터 뿐만 아니라 Roche 454, Illumina, SOLiD, Ion Torrent 장비에서 생산되는 모든 시퀀싱 데이터의 분석을 지원합니다.

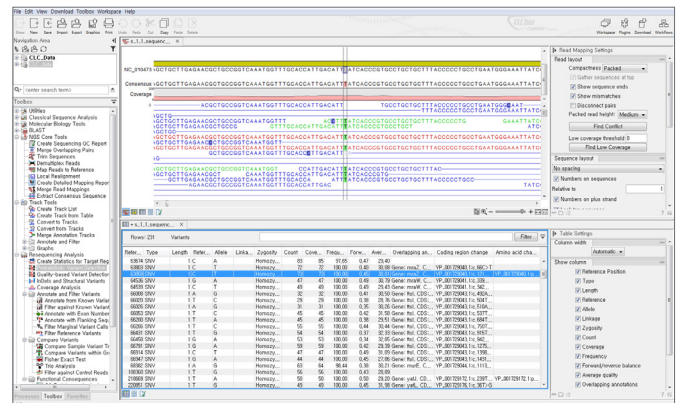
De novo assembly

CLC Genomics Workbench는 NGS 멀티 포맷 데이터의 hybrid assembly를 지원하여 새로운 유전체 서열을 제작하기 위한 *de novo* assembly 분석을 수행합니다. 높은 퀄리티의 assembly 결과를 얻기 위한 word size 조절 및 유전체 크기에 제한 없는 분석을 수행할 수 있으며, mate paired end 시퀀싱 데이터를 이용한 scaffolding 기술을 지원하고 있습니다.



Variation detection

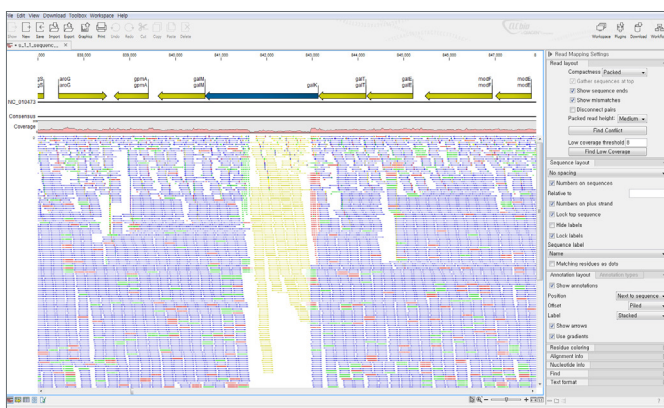
Assembly에 기초한 SNP 및 small Indel 분석을 수행하며, 두 가지의 알고리즘이 탑재되어 확률적으로 수준 높은 potential한 variant들을 검증할 수 있습니다. 또한 시퀀싱 중에 일어난 오류에 기인한 variation 등을 구별하기 위한 여러 가지 파라미터를 설정할 수 있고 특정 SNP가 단백질 서열까지 변화되는 SNP인지 그 여부도 판단할 수 있습니다.



그리고 reference assembly에 기반하여 매핑된 read들의 통계 분석을 통해 다양한 structure variation 분석을 수행할 수 있습니다.

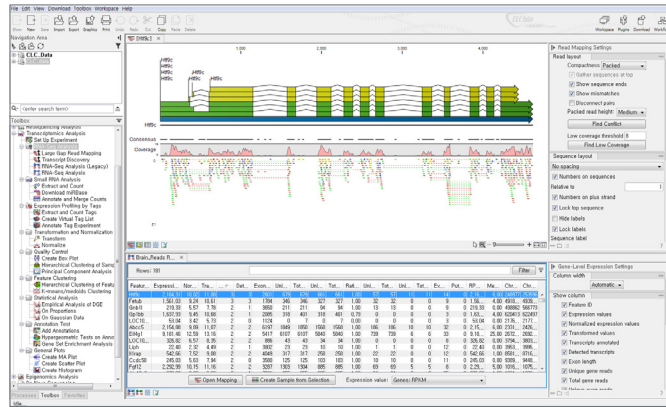
Reference assembly

Reference 서열에 시퀀싱한 데이터를 매핑함으로써 이 후 variation 분석 등의 기초 데이터를 만들 수 있습니다. 모델 organism의 유전체 데이터는 데이터베이스와 연동되어 해당 유전체 정보를 쉽게 다운로드 하여 reference 서열로 선택 후 분석할 수 있습니다.

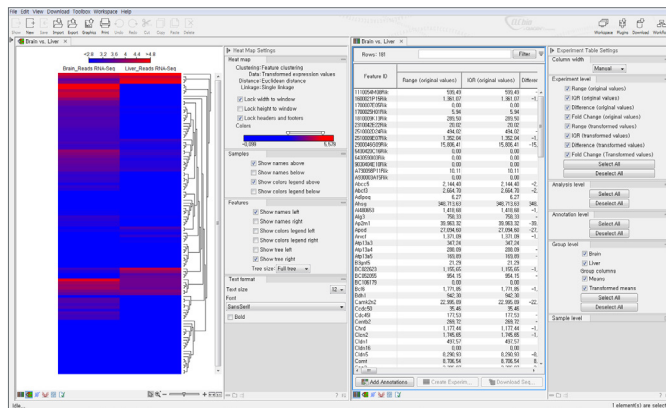


RNA-Seq analysis

CLC Genomics Workbench는 annotation된 reference 유전체 서열과 mRNA 시퀀싱 read들을 바탕으로 새로운 엑손의 발굴뿐만 아니라 유전자 발현 레벨(RPKM)을 계산할 수 있습니다.



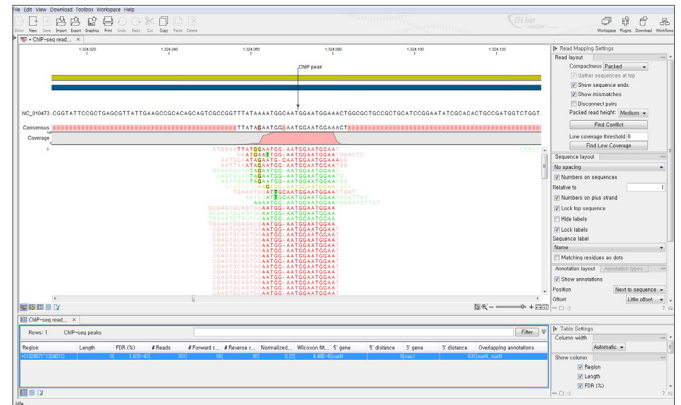
계산된 발현 값은 각 샘플별로 다양한 통계 분석을 수행함으로써 microarray 분석법과 같이 유사한 발현 패턴으로 보이는 유전자들을 그룹핑하여 2차 분석을 수행할 수 있습니다.



또한 *Ab initio* transcript discovery 플러그인을 통하여 annotation 정보가 없는 reference 서열에 mRNA 시퀀싱 reads를 매핑하여 분석할 수 있습니다.

ChIP-Seq analysis

CLC Genomics Workbench를 이용한 ChIP-Seq 분석은 실험적으로 짧은 DNA 절편에 binding하는 특성 때문에 antibody만을 사용한 대조군을 설정하여 비교 및 통계적인 확률 등의 계산이 가능합니다. 또한 binding site 근처에 존재하는 유전자들의 정보도 제공하며, consensus binding 서열을 도출하게 되면 BIOBASE사의 TRANSFAC® 데이터베이스와 플러그인을 통하여 transcription factor binding site 분석도 수행할 수 있습니다.



Genome informatics framework

CLC Genomics Workbench에서 NGS 데이터를 통하여 다양한 분석을 수행하고 결과들을 연계하여 확인할 때 사용할 수 있는 track tool들은 genome 수준의 데이터들을 한 눈에 볼 수 있도록 브라우저 시스템과 같은 형태로 사용할 수 있습니다.



Classical sequence analysis

CLC Genomics Workbench에서는 NGS 데이터 분석 외에 기본적인 생물정보분석 툴(BLAST, Primer design, Multiple alignment 등)들이 통합되어 있으므로 이 후 2차 분석에 효율적으로 사용할 수 있습니다.

소프트웨어 공급 서비스 문의
marketing@insilicogen.com

생물정보 분석 서비스 문의
codes@insilicogen.com

031.278.0061