

GWB Premium CLC Genomics Workbench Premium

모든 NGS 분석 애플리케이션을 위한 단일 패키지



GENOMICS

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

TRANSCRIPTOMICS

- RNA-seq analysis
- miRNA analysis
- Expression profiling
- DEG analysis

EPIGENOMICS

- ChIP-seq analysis
- Peak finding and peak refinement
- Case/Control analysis
- Bisulfite sequencing analysis
- Histone ChIP-seq analysis

TYPING AND EPIDEMIOLOGY

- MLST
- SNP tree
- K-mer tree
- Metadata management

METAGENOMICS

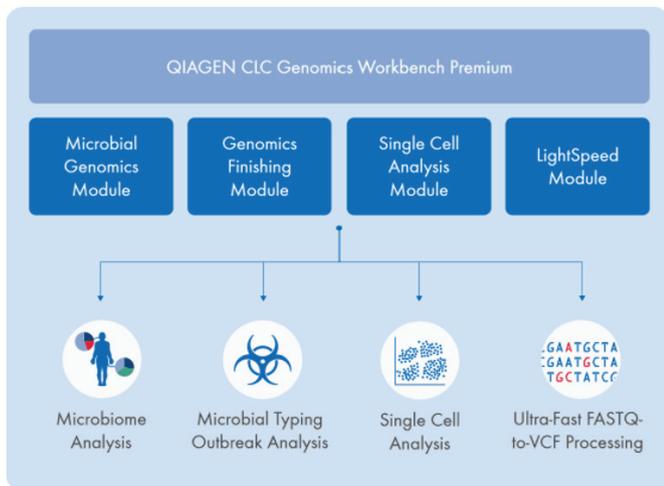
- OTU clustering
- Taxonomic analysis
- Alpha/Beta diversity
- *De novo* assembly
- Gene ontology term
- Pfam domain annotation

SINGLE CELL ANALYSIS

- Gene expression analysis
- RNA velocity
- Immune repertoire analysis
- Chromatin accessibility analysis

NGS Expansion with GWB Premium

CLC Genomics Workbench Premium은 CLC Genomics Workbench를 기반으로 보다 확장된 고급 NGS 분석 기능을 제공하는 프리미엄 솔루션입니다. 표준 Workbench에서 제공되는 기본적인 유전체 분석 기능에 더해, microbial genomics 및 metagenomics 분석, single-cell analysis, genome finishing 그리고 대용량 데이터를 빠르게 처리할 수 있는 LightSpeed 분석 기능을 추가로 지원합니다. 이를 통해 복잡하고 다양한 NGS 분석 요구사항을 효율적으로 수행할 수 있습니다.



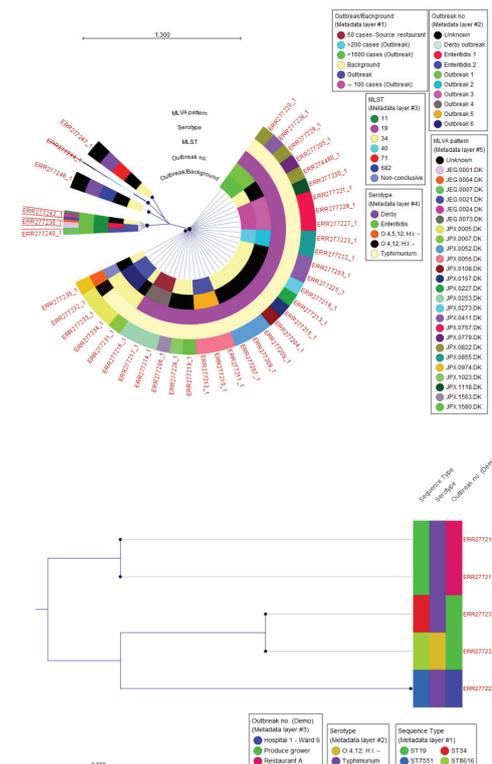
- 이 브로슈어는 4가지 모듈(CLC Microbial Genomics Module, CLC Genome Finishing Module, CLC Single Cell Analysis Module, CLC LightSpeed Module)의 기능을 설명하며, CLC Genomics Workbench 세부 기능은 별도의 브로슈어에서 확인할 수 있습니다.

Microbial typing and epidemiology

Epidemiological Typing 분석을 위하여 antimicrobial resistance 유전자를 분석할 수 있도록 참조 데이터베이스를 제공하고, MLST 분석을 위해 PubMLST, MLST.net 등에서 MLST scheme을 내려받아 분석할 수 있습니다. 이러한 방법들로 박테리아의 분자 typing과 epidemiology 분석이 가능하며 기본적으로 제공되는 workflow 들을 활용하여 원하는 분석을 쉽게 진행할 수 있습니다.

- Typing and Epidemiology
- Compare Variants Across Samples
- Create MLST Scheme with Sequence Types
- Map to Specified Reference
- Type Among Multiple Species
- Type a Known Species

또한 공통의 참조서열이 존재할 때에 reference mapping과 변이 분석을 수행하여 SNP tree를 그릴 수 있으며, jaccard distance나 FFP 방법을 이용하여 K-mer tree를 그릴 수 있습니다.



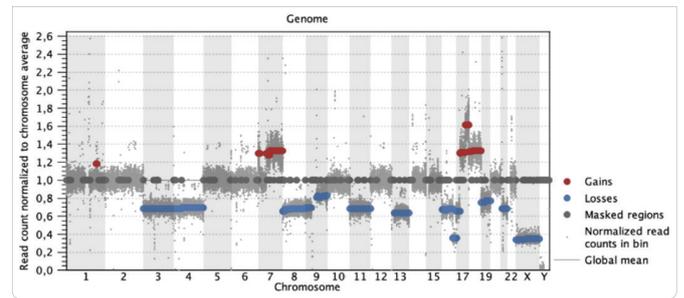
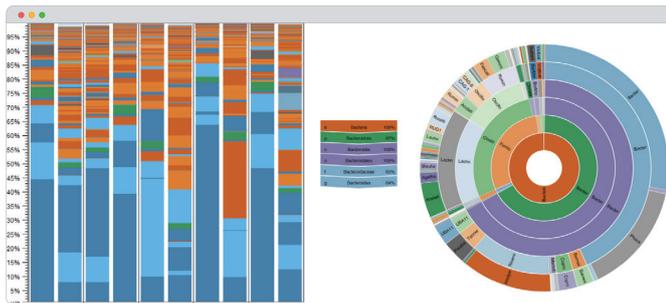
GWB Premium CLC Genomics Workbench Premium

모든 NGS 분석 애플리케이션을 위한 단일 패키지



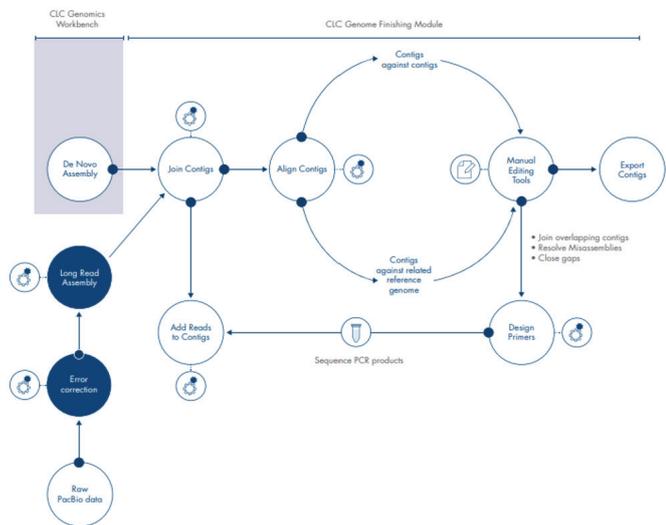
Microbial profiling

Microbial profiling을 위한 SILVA, UNITE, Greengenes, Whole meta의 데이터베이스를 내려받을 수 있으며, 사용자가 직접 데이터베이스를 만들어 분석을 수행할 수도 있습니다. OTU clustering의 경우 이러한 데이터베이스가 별도로 없을 때는 *de novo* OTU clustering 역시 가능합니다. 결과는 테이블 정보와 다양한 시각적인 그래프(sunburst chart, bar chart) 형태로 제공됩니다.



Genome finishing module

De novo assembly 결과를 기반으로 유전체 서열의 완성도를 향상시키기 위한 분석 도구를 제공합니다. Assembly 결과를 시각적으로 검토하고 contig 간 연결 관계를 확인함으로써, 조립 과정에서 발생할 수 있는 불확실한 영역이나 구조적 문제를 확인할 수 있습니다.



LightSpeed analysis

대용량 NGS 데이터를 보다 빠르고 효율적으로 처리할 수 있도록 설계되었습니다. 주요 NGS 분석 단계에 최적화된 분석 엔진을 적용하여 많은 샘플을 포함한 대규모 데이터 세트나 반복적인 분석 작업을 신속하게 수행할 수 있습니다. 이를 통해 분석 소요 시간을 단축하고 전반적인 처리 효율을 향상시킬 수 있습니다.

Single cell analysis

CLC Single Cell Analysis Module은 데이터 분석을 위한 전용 도구와 워크플로우를 제공하며, 세포 수준의 유전자 발현과 특성을 정밀하게 분석할 수 있도록 지원합니다. Single-Cell RNA-seq 데이터를 기반으로 한 유전자 발현 분석을 수행할 수 있으며, RNA velocity 분석을 통해 세포 상태 변화와 분화 방향성에 대한 해석이 가능합니다. T-cell receptor sequencing (TCR-seq) 데이터를 이용한 immune repertoire 분석과, ATAC-seq 기반의 chromatin accessibility 분석을 지원하여 single-cell 수준에서의 면역 특성 및 조절 영역 분석이 가능합니다. 분석 결과는 UMAP 및 t-SNE와 같은 차원 축소 기반 시각화를 통해 직관적으로 확인할 수 있습니다.

