

# 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
- SNPs 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

## CLC Genomics Workbench Premium

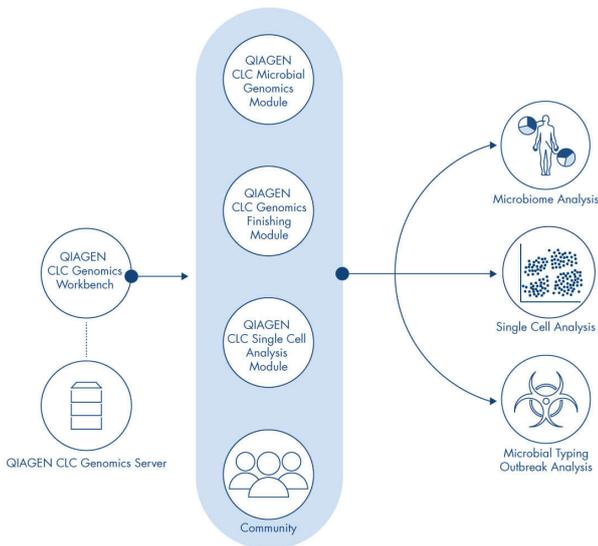
심도 있는 NGS 분석을 위한 포괄적이고 완전한 기능을 갖춘 생물정보학 분석 솔루션인 CLC Genomics Workbench Premium은 생물학 연구를 지원하는데 필요한 모든 도구를 제공합니다. Microbial genomics 및 metagenomics, single cell analysis, genome finishing 기능을 추가하여, whole genome 및 transcriptome de novo assembly, gene expression, targeted resequencing, variant calling, ChIP-seq 및 DNA methyl-seq를 위한 도구를 포함하는 CLC Genomics Workbench의 기능을 확장합니다.

## Microbial typing and epidemiology

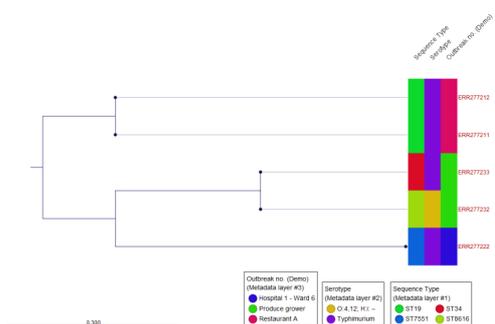
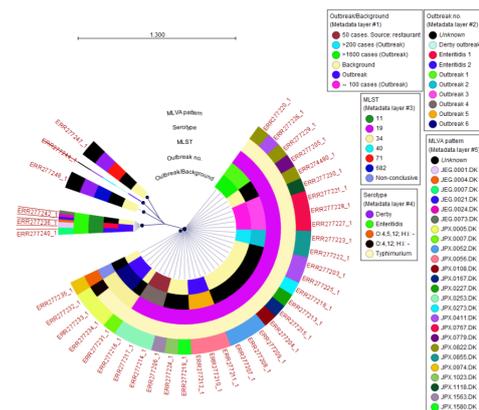
Epidemiological Typing 분석을 위하여 antimicrobial resistance 유전자를 분석할 수 있도록 참조 데이터베이스를 제공하고, MLST 분석을 위해 PubMLST, MLST.net 등에서 MLST scheme을 내려받아 분석할 수 있습니다. 이러한 방법들로 박테리아의 분자 typing과 epidemiology 분석이 가능하며 기본적으로 제공되는 workflow 들을 활용하여 원하는 분석을 쉽게 진행할 수 있습니다.

- 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.



- 이 브로슈어는 3가지 모듈 (CLC Microbial Genomics Module, CLC Genome Finishing Module, CLC Single Cell Module)의 기능을 설명합니다.
- CLC Genomics Workbench 세부 기능은 별도의 브로슈어에서 확인 가능합니다.



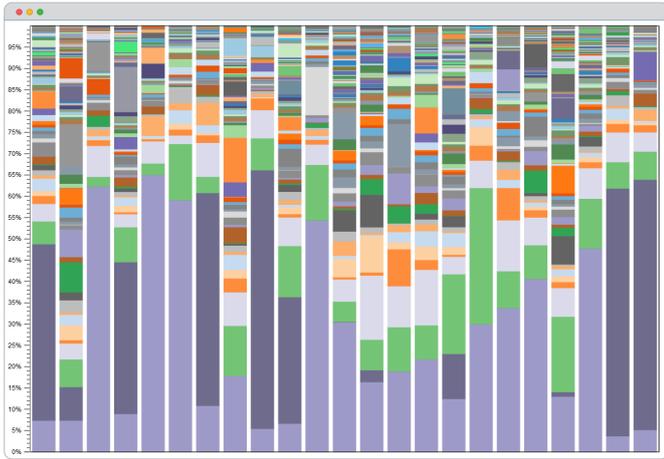
# GWB Premium CLC Genomics Workbench Premium

모든 NGS 분석 애플리케이션을 위한 단일 패키지



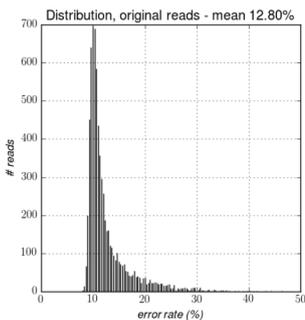
## Microbial profiling

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

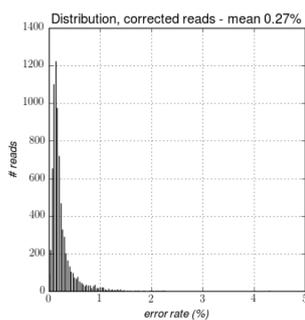


## Correct PacBio read

NGS 시퀀싱 플랫폼 중에 비교적 에러율이 높은 PacBio 데이터는 기존의 trimming 툴을 활용하기에 적합하지 않습니다. PacBio 데이터 전용의 error corrector로 더 정확한 read 들을 이용하여 분석을 진행할 수 있습니다.



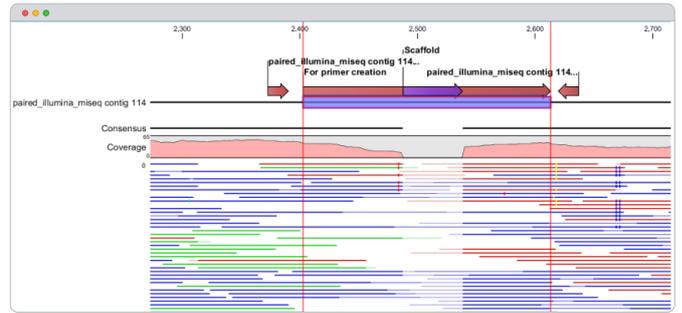
Correct PacBio read 전



Correct PacBio read 후

## Create amplicons/Primers

유전체 완성을 위하여 contig 사이의 gap 영역을 채우기 위한 primer 디자인은 필수 작업입니다. contig 들을 정렬하고 gap 영역을 확인하면서 필요한 primer를 제작할 수 있도록 제공하고 있으며, 추가 시퀀싱 이후 데이터를 재분석할 수 있는 툴도 함께 제공하고 있습니다.



## Single cell analysis

CLC Single Cell Analysis Module은 single-cell 데이터 처리를 위한 tool과 workflow를 제공합니다. Gene expression analysis (include RNA velocity analysis), Immune repertoire analysis for T-cell receptor-seq data, Chromatin accessibility analysis for data from assay for transposase-accessible chromatin-seq 을 포함하며, 유연한 UMAP or tSNE plot을 시각화할 수 있습니다.

