

CLC Main Workbench

일반 염기서열 분석을 위한 기초 소프트웨어



KEY FEATURES

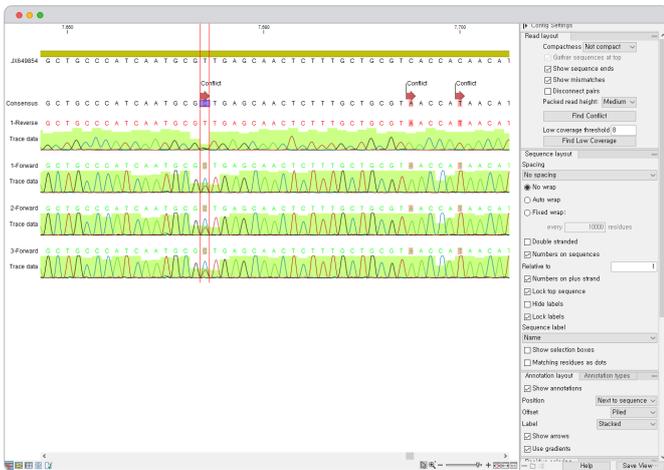
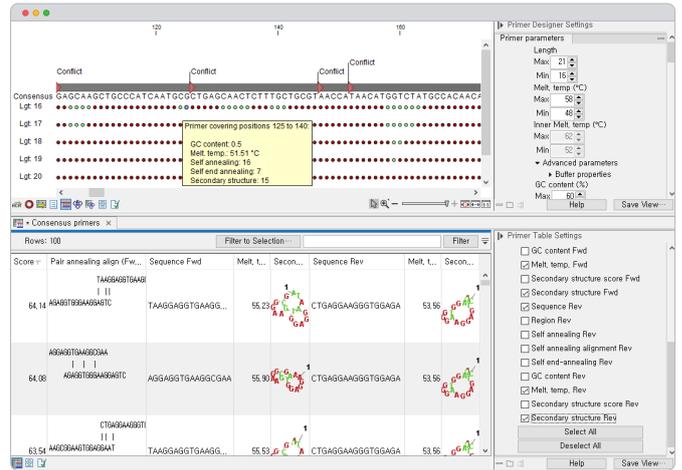
- Sequence view
- Primer design
- Cloning
- Restriction site analysis
- Reference & De novo assembly
- Trim sequence
- Alignment & Phylogenetic tree
- Expression analysis
- BLAST/Local BLAST
- Database search
- RNA structure prediction
- 3D Protein structure

A comprehensive workbench for DNA, RNA, Protein analysis

CLC Main Workbench는 DNA, RNA, Protein의 염기서열 분석을 위한 통합 소프트웨어입니다. 사용자 편의적인 GUI를 통해 일반 연구자들도 쉽게 활용할 수 있습니다. 새로운 표적이나 바이오마커 후보를 식별할 수 있습니다.

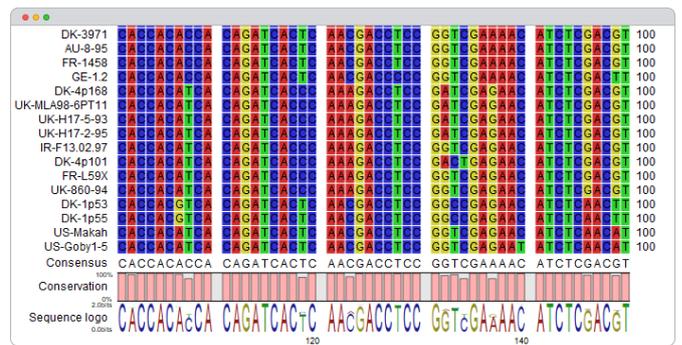
Sanger sequencing data assembly

*.ABI, *.SCF, *.PHD와 같은 Sanger sequencing 데이터의 import를 통해 assembly를 수행하며, 그 결과 contig 또는 reference와 다른 염기서열에 conflict annotation을 자동으로 부여하여 variation 분석을 위한 기초 자료를 제공합니다. 또한 sequencing 데이터의 trace 정보를 통해 2차 정점을 검출하여 이형 접합 돌연변이를 찾는 데 도움을 줍니다.



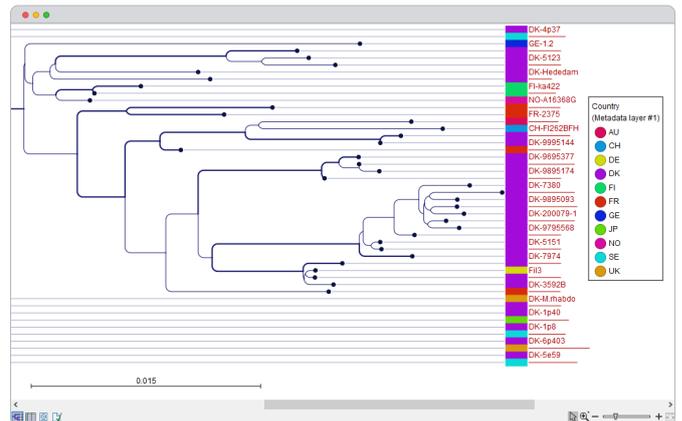
Alignment & Phylogenetic tree

비교하고자 하는 서열을 정렬하여 유사도를 분석하고, 이후 tree를 그려 유연관계를 분석할 수 있습니다. Plugin을 통해 ClustalW, MUSCLE 등 다른 정렬 알고리즘을 추가하여 분석할 수 있습니다. 메타데이터를 통해 tree의 시각화를 다양하게 표현할 수 있습니다.



Primer design

Standard PCR, nested PCR, TaqMan PCR, sequencing primers 등 다양한 유형의 프라이머를 디자인할 수 있으며, 증폭하고자 하는 영역, 각 primer가 binding 해야 하는 영역 등을 별도로 지정해줄 수 있습니다. Length, melting temperature, GC content 등 세부적인 파라미터 옵션 설정에 따라 최대 100개까지의 후보 primer list를 제공합니다.



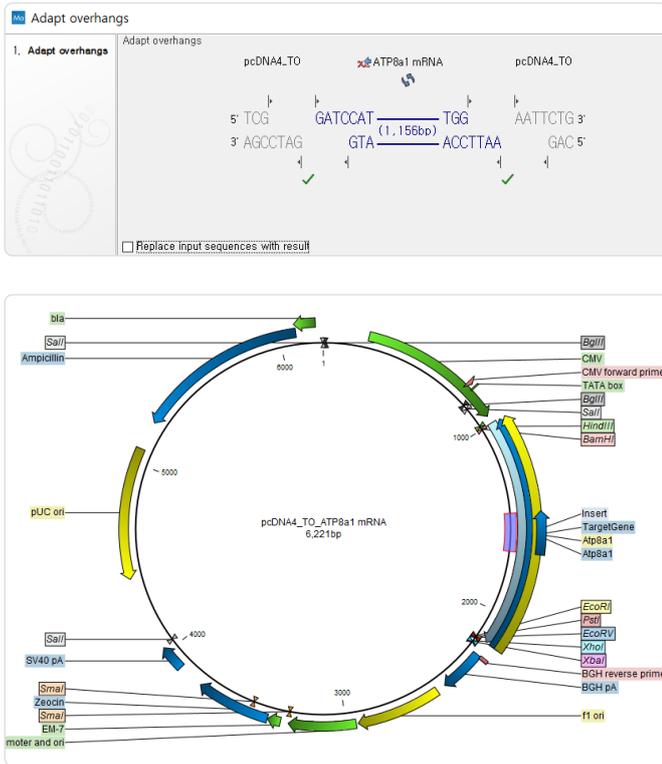
CLC Main Workbench

일반 염기서열 분석을 위한 기초 소프트웨어



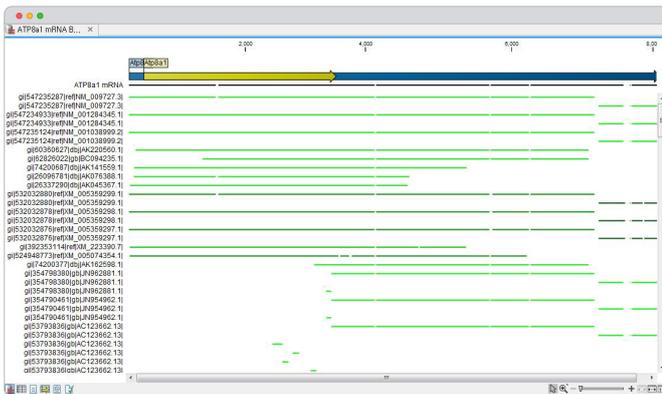
Cloning

유전자 재조합 및 vector에 발현시키고자 하는 유전자를 넣어주기 위해서 CLC Main Workbench에서는 restriction site를 분석하여 수행합니다. Vector 서열과 유전자의 overhangs를 가시화하여 쉽게 조정할 수 있습니다.



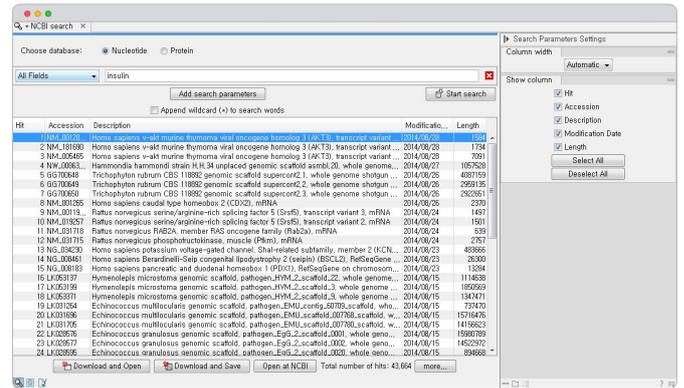
BLAST

DNA, RNA, Protein의 query 서열을 NCBI database와 매치하여 가장 유사한 서열을 그래픽 하게 제공합니다. 텍스트, 테이블 형태로 그 결과를 확인할 수 있으며, 원하는 서열을 내려받아 분석에 이용할 수 있습니다. 또한 사용자가 직접 BLAST database를 만들고, 이를 이용하여 local BLAST를 수행할 수 있습니다.



Database search

CLC Main Workbench 내에서 NCBI 및 UniProt database의 서열을 검색하여 다운로드 받을 수 있습니다. Fields 검색을 통해 테이블로 결과를 제공하고, accession, name, description 등의 정보를 확인할 수 있습니다. 다운로드 받은 서열 데이터는 navigation area에 저장되며, 차후 분석에 해당 서열을 이용할 수 있습니다.



Workflows

Workflow 기능을 통해 여러 샘플을 같은 파이프라인으로 분석을 진행할 때 유용하게 이용할 수 있습니다. 호환되는 input 데이터와 output 데이터를 연결함으로써 간편하게 workflow를 만들 수 있고, 연구실만의 도구로 만들어 공유가 가능합니다.

