

OmicsBox with Transcriptome

Raw reads를 이용하여 RNA-seq 데이터를 유연하고 직관적인 방식으로 기능 분석 및 처리



TRANSCRIPTOMICS

- Quality control
- Assembly
- Quantification
- Differential expression

Quality control

샘플의 품질 관리를 수행하기 위해, FastQC와 Trimmomatic을 사용하여 Reads를 필터링하고 low quality bases를 제거할 수 있습니다.

De novo assembly

Reference genome없이 de novo 전사체를 생성하기 위해 Trinity 프로그램을 이용하여 짧은 reads를 조립할 수 있습니다.

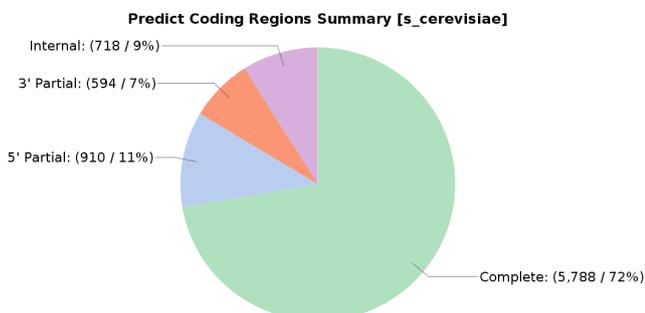
Spreadsheet alike

차등 표현 결과를 정렬 및 필터링하고 통계 기준을 조정하여 유의 유전자를 검토하고 기능 정보와 결합하여 생물학적 통찰력을 얻을 수 있습니다.

Nr	Tags	Name	FC	logFC	logCPM	P-Value	FDR
33	UP	NGO0873	9.89874	3.30724	5.70897	2.9411E-175	1.7121E-173
34	UP	NGO0702	6.96664	2.80046	8.47333	1.1717E-173	6.6202E-172
35	UP	NGO0701	8.92635	3.15807	7.72212	4.9597E-172	2.7222E-170
36	DOWN	NGO0606	-7.60586	-2.92711	6.92197	1.8017E-170	9.6143E-169
37	DOWN	NGO0757	-50.27895	-5.65188	5.25238	6.0946E-170	3.1643E-168
38	DOWN	NGO1463a	-6.27027	-2.64853	9.96006	8.4012E-170	4.2470E-168
39	UP	NGO1189	10.40901	3.37976	5.49797	8.4661E-166	4.1701E-164
40	DOWN	NGO0176	-39.04366	-5.28702	5.51934	1.1316E-165	5.4343E-164
41	DOWN	NGO0545	-5.79089	-2.53378	8.45118	6.8823E-165	3.2246E-163
42	UP	NGO0026	13.24887	3.7278	5.0641	3.5935E-164	1.6435E-162
43	DOWN	NGO1466	-4.98324	-2.31708	8.66767	1.1666E-158	5.2118E-157
44	UP	NGO0999	5.99829	2.58455	8.61918	2.6979E-156	1.1779E-154

Statistics

다양한 통계 차트는 결과의 품질 평가뿐만 아니라 assembly 및 정량화 프로세스에 대한 추가 정보를 제공합니다.



RNA-Seq alignment

초고속 유니버설 RNA-seq aligner인 STAR를 사용하여 RNA-seq 데이터를 reference genome에 alignment 할 수 있습니다.

Enrichment analysis

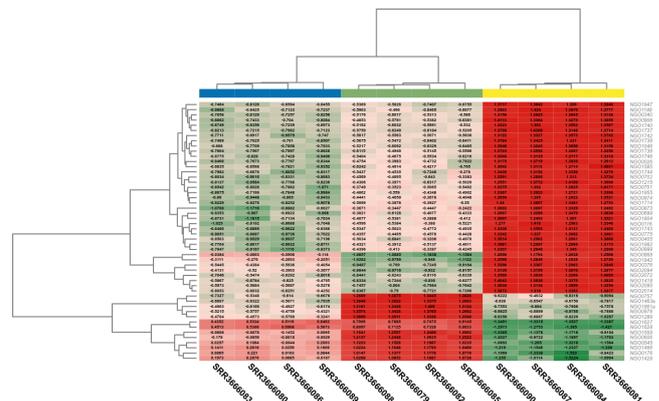
차등 발현 결과를 functional annotation과 결합함으로써, 능숙 분석은 과잉 및 과소 표현된 생물학적 기능을 식별할 수 있도록 해줍니다.

Differential expression analysis

NOISeq, edgeR 또는 maSigPro와 같이 잘 알려진 다양한 통계 패키지를 사용하여 실험 조건 간 또는 시간이 지남에 따라 차등적으로 발현된 유전자를 검출할 수 있습니다. 또한, 풍부한 시각화는 결과를 해석하는 데 많은 도움이 됩니다.

Rich visualizations

상호작용적 Heat Map은 다른 유전자와 표본의 표현 값 사이의 차이와 유사성을 직관적으로 확인하는 데 도움이 됩니다.



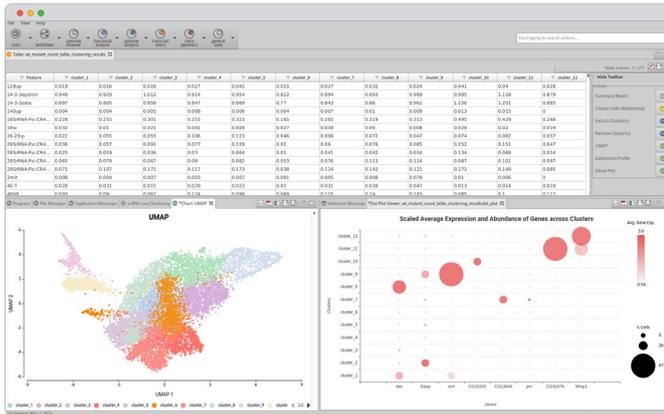
OmicsBox with Transcriptome

Raw reads를 이용하여 RNA-seq 데이터를 유연하고 직관적인 방식으로 기능 분석 및 처리



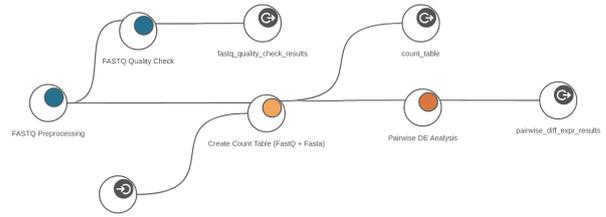
Single cell analysis

Single-cell RNA 시퀀싱(scRNA-seq)은 많은 세포 집단의 발현을 함께 분석하는 일반적인 대량 RNA 시퀀싱과 달리 개별 세포의 발현 프로파일을 연구하는 것을 목표로 하는 기술입니다. scRNA-seq를 사용하면 같은 샘플 내에서 서로 다른 세포 유형을 식별할 수 있으므로 조직을 더욱 자세하게 연구할 수 있습니다.



Transcript-level analysis

Transcriptome (예:de novo assembled transcriptome)에 read를 대치하여 transcripts 수준에서 발현을 추정하고 차등 발현 분석을 수행하여 중요한 transcripts를 식별합니다.

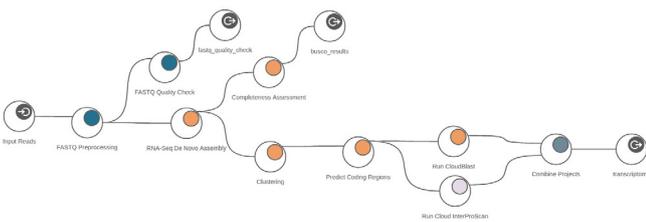


Quantify expression

HTSeq 또는 RSEM을 사용하여 reference genome의 유무와 관계 없이 유전자 또는 전사체 수준에서의 발현을 정량화할 수 있습니다.

De novo transcriptome analysis

RNA-seq reads를 조립하여 자신만의 reference transcriptome을 생성할 수 있으며, 각 transcript sequence의 발현 값을 추정하고 차등 발현 분석을 수행할 수 있습니다.



Gene-level analysis

Reference를 사용할 수 있는 경우 reference genome에 대해 RNA-Seq reads를 정렬하여 유전자 수준 분석을 수행합니다. 그런 다음 각 유전자의 발현 값을 추정하고 차등 발현 분석을 수행합니다.

