

## METAGENOMICS

- Taxonomic and functional
- Classification, MetaAssembly and GenePredictions
- Comparative analysis

## Quality control and assessment

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

## Taxonomic classification

Kraken에서 현재의 종 (세균, 고세균, 바이러스)를 식별하고, 다단계의 파이 차트 (Krona)와 샘플 간의 비교 막대그래프로 결과를 시각화할 수 있습니다.

## Metagenomic assembly

클라우드에서 빠르고 쉽게 대규모 데이터셋을 조립하기 위해 MetaSPAdes와 MEGAHIT 중에서 선택할 수 있습니다.

## Gene prediction

가능 유전자와 단백질을 식별하고 추출하기 위해 일반 reads에는 FragGeneScan, 조립된 데이터에는 Prodigal을 사용할 수 있습니다.

## Functional annotation

EggNOG-Mapper 및 PfamScan을 사용하여 높은 처리량의 functional annotation을 얻을 수 있고, 결과를 GO 그래프 및 차트로 시각적으로 표현하고 비교할 수 있습니다.

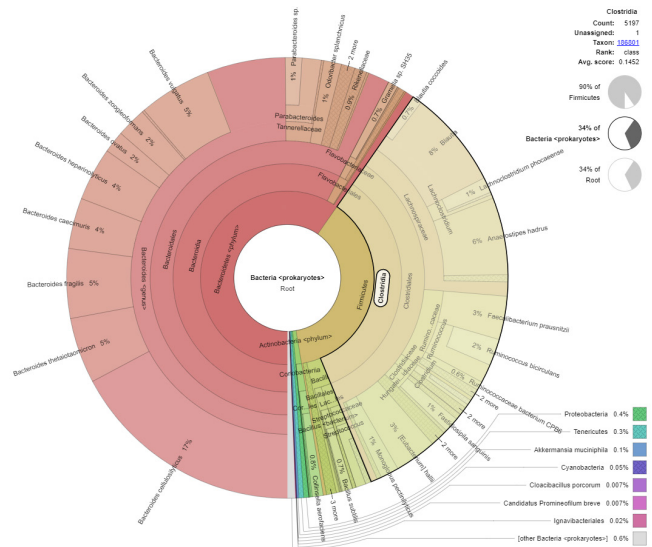
## Taxonomic classification

분류 결과를 정렬 및 필터링하여 선택한 분류 단위에 속하는 모든 reads를 추출할 수 있으며, 다양한 스타일의 맞춤형 분포도로 보고서를 수정할 수도 있습니다.

Rank	TaxID	Scientific Name	PAS1	PAS2	PAS3
Superkingdom	2	Bacteria <prokaryotes>	11404	8552	10183
Phylum	201174	Actinobacteria <phylum>	1421	998	1180
Class	80864	Comamonadaceae			1604
Order	1760	Actinobacteria <class>			1012
Family	356	Rhizobiales			850
Genus	119060	Burkholderiaceae			553
Species	976	Bacteroides <phylum>			377
	1239	Firmicutes			456
	72274	Pseudomonadales			444
	135621	Pseudomonadaceae			430
	204457	Sphingomonadales			285
	286	Pseudomonas			408
	28221	Deinaproteobacteria	405	272	293

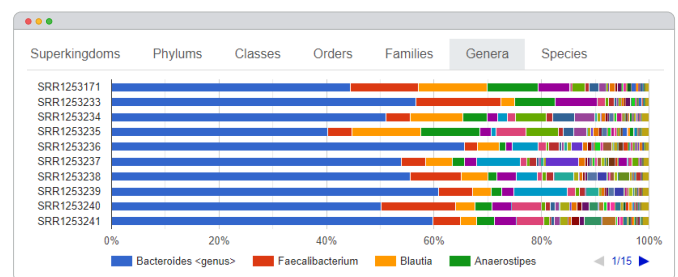
## Rich visualizations

다채로운 상호작용적 차트는 데이터를 직관적으로 탐색하는 데 도움을 주며, 메타게놈 분류의 복잡한 계층 구조 내에서 상대적인 종 풍부도와 신뢰도 점수를 통해 모든 샘플을 살펴볼 수 있습니다.



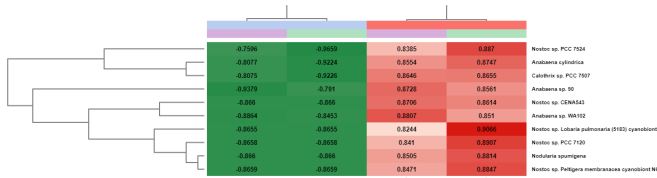
## Inter-sample comparison

상호작용적 막대 차트를 통해 속 또는 종 수준과 같은 샘플 간 관계를 이해할 수 있으며, 다른 샘플 사이에서 분류학적 풍부도를 빠르게 볼 수 있습니다.



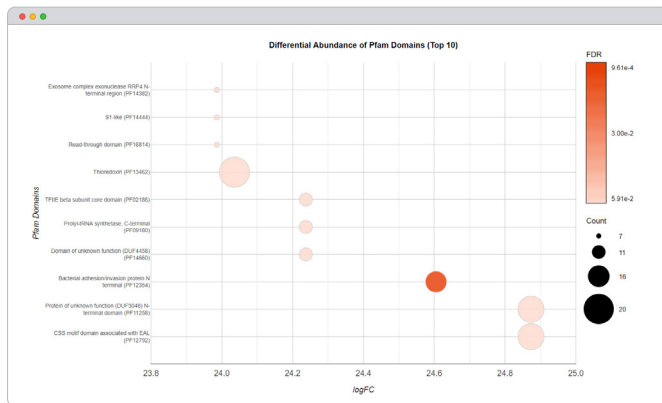
## Differential abundance testing of taxa

edgeR을 사용하여 서로 다른 그룹의 다른 수준에서 OTU를 테스트하여 차등 풍부함을 결정합니다. 일반 결과 외에도 PDF 보고서, Heat Map 및 기타 시각화가 결과를 해석하는 데 도움이 됩니다.



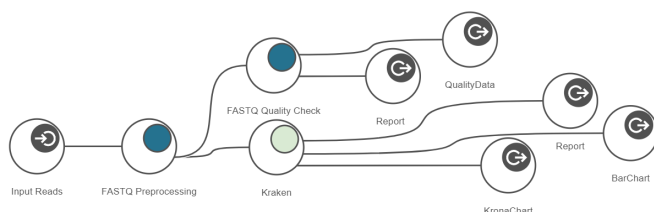
## Differential abundance testing of functions

샘플 사이에 주식이 달린 함수의 차등 풍부함을 테스트하고 이 bubble 차트와 같은 시각화를 생성합니다.



## Taxonomic classification

예제 workflow는 OmicsBox를 사용하여 metagenomics 데이터의 기본 분류 체계를 보여줍니다. FastQC와 Trimmomatic을 사용하여 Reads는 필터링되어 보고서가 생성되고, 추가 해석을 위한 OTUs를 식별하고 계산하기 위해 Kraken이 사용됩니다. PDF 보고서는 각 샘플에 대해 다른 수준에서 가장 풍부한 OTUs에 대한 명확한 개요를 제공하며, 샘플 내, 샘플 간 비교 차트도 포함이 됩니다. 또한, 몇 번의 클릭만으로 전체 workflow를 시작할 수 있게 되어 있습니다.



## Functional Characterization

Metagenomics 데이터의 기능적 특성 분석은 복잡한 작업이지만, OmicsBox Metagenomics 모듈을 사용하면 일반적으로 리소스 요구가 많은 assembly 단계와 유전자 예측을 쉽게 결합할 수 있는 능률화된 workflow를 설계할 수 있을 뿐 아니라 대규모의 metagenomics 데이터 세트에 대한 높은 처리량의 functional annotation도 설계할 수 있습니다. 또한, EggNOG-Mapper와 PfamScan의 통합으로 빠르고 포괄적인 functional annotation을 얻을 수 있으며, 계층적 막대와 그래프 차트로 필터링 및 시각화를 할 수 있습니다.

