

# 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.

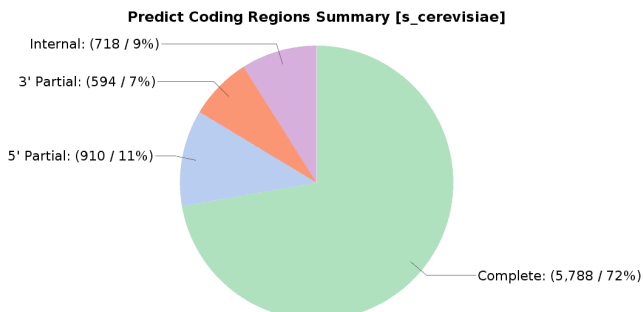
## Spreadsheet alike

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	3.5933E-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

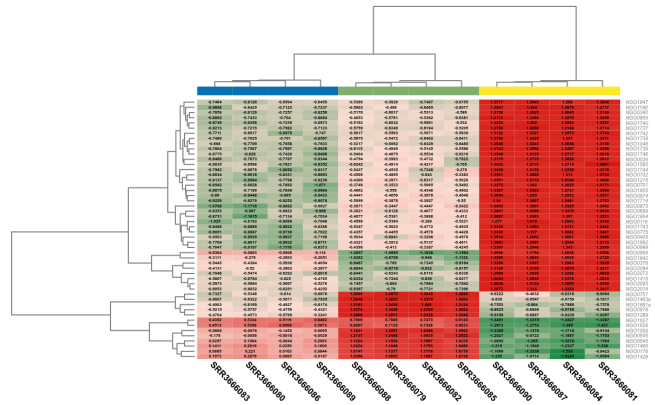
차등 발현 결과를 functional annotation과 결합함으로써, 능숙 분석은 과잉 및 과소 표현된 생물학적 기능을 식별할 수 있도록 해줍니다.

## 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.



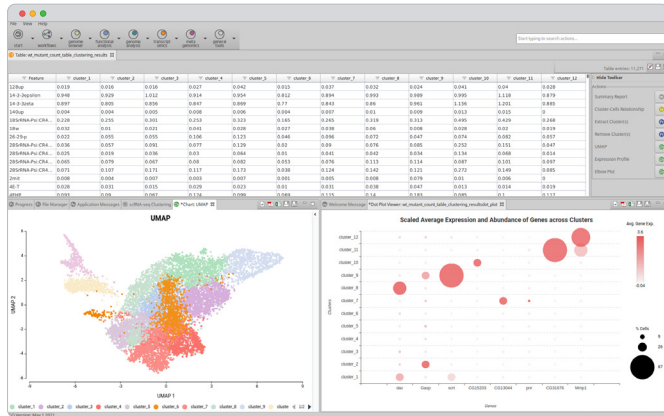
# OmicsBox with Transcriptome

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



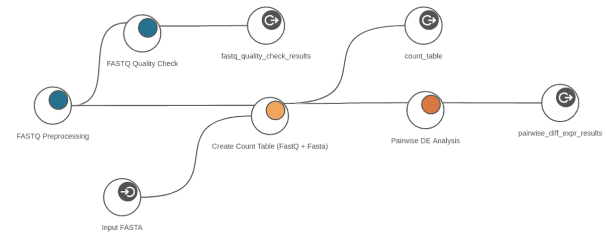
## Single cell analysis

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.

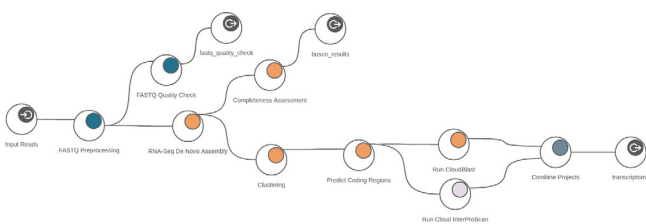


## Quantify expression

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.

