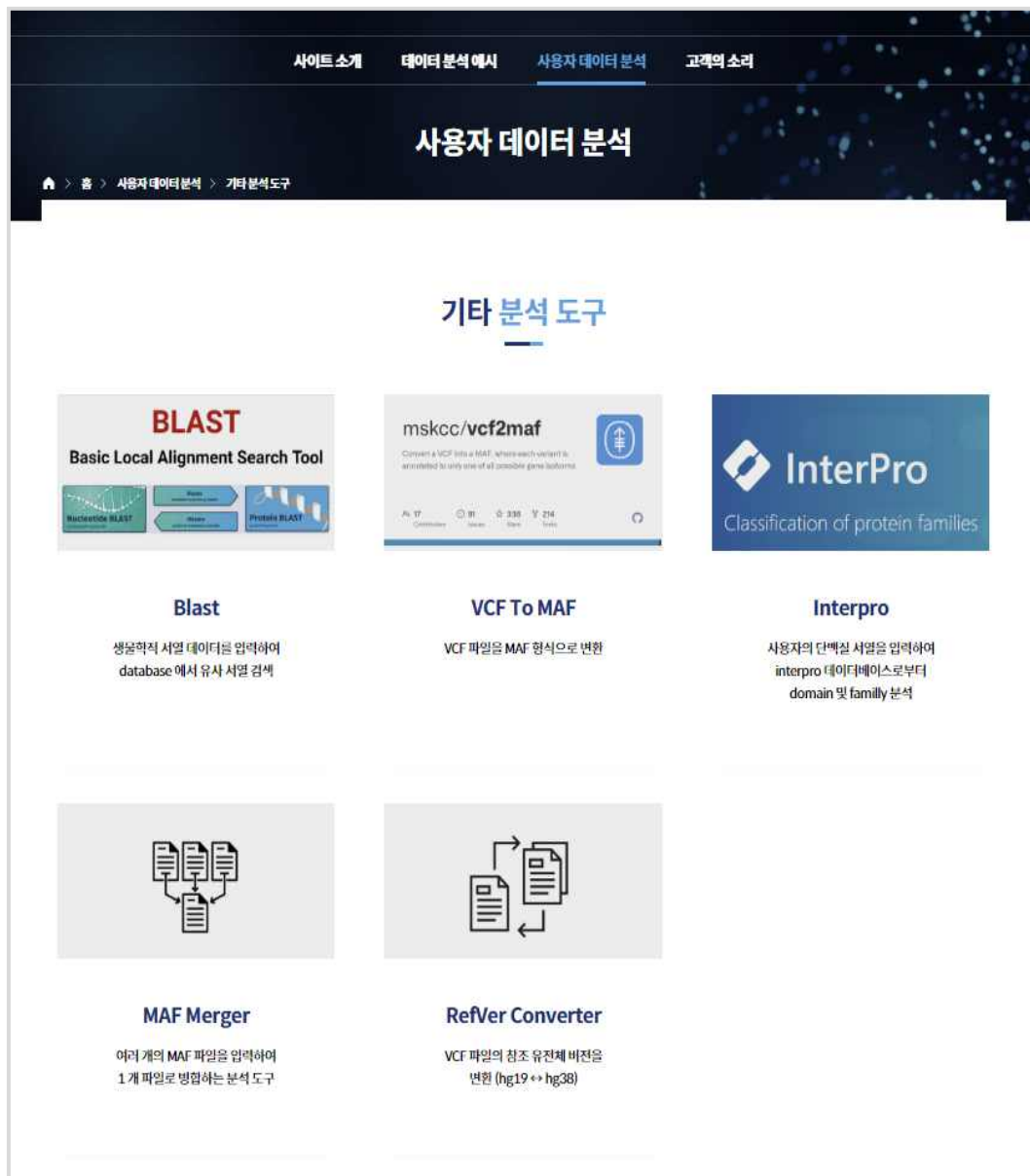


기타 분석 도구

- 기타 분석 도구 메뉴는 시각화 기능 외 생물학적 서열 데이터(FASTA) 또는 Variant Call Format(VCF) 파일을 분석하기 위한 메뉴입니다.
- 해당 메뉴는 생물학적 서열 데이터를 분석하는 **BLAST**, **Interpro**, VCF 파일을 MAF 파일로 변환 해주는 **VCFtoMAF**, 여러 개의 MAF 파일을 하나의 파일로 병합시켜주는 **MAF Merger**, VCF 파일의 참조 유전체 버전을 변환(hg19 ↔ hg38) 시켜주는 **RefVer Converter**로 구성됩니다.



< 사용자 데이터 분석 - 기타 분석 도구 화면 >

BLAST

- BLAST는 Basic Local Alignment Search Tool의 약자로 생물학적 서열 데이터(FASTA 파일)를 위한 분석 도구입니다.

- ① 서열 입력 상자에 직접 FASTA 서열 정보를 입력하거나 또는 FASTA 파일을 Drag & Drop 합니다.
- ② 본인의 서열 데이터가 염기서열 기반이라면 Nucleotide databases를 선택하고, 아미노산 기반이라면 Protein databases를 선택합니다.
- ③ Advanced parameters 상자에서 parameter를 설정 ([?] 박스를 누르면 parameter 종류 확인 가능)
예시) `-evalue 1.0e-5 -num_alignments 100`
(입력 정보가 없으면 default 값으로 설정. 특별한 경우가 아니면 parameter는 default로 설정하는 것이 좋음)
- ④ 입력정보를 모두 입력했으면 우측 하단의 BLAST 버튼 클릭
- ⑤ 분석이 완료되었으면 결과 파일을 다운로드 할 수 있습니다.

< 기타 분석 도구 화면 - BLAST >

VCF to MAF

- VCF to MAF는 Variant Call Format(VCF) 파일을 Minor Allele Frequency(MAF) 파일 형식으로 변환해주는 도구입니다.

① [파일 선택] 버튼을 통해 VCF 파일을 업로드 합니다.

(* Reference genome HG38 version을 사용하여 생성된 파일만 허용됩니다.)

② VCF 파일 업로드 후 [제출] 버튼을 누르면 변환이 시작됩니다.

③ 변환 후 결과 파일을 다운로드 할 수 있습니다.

The screenshot shows the VCF To MAF web application interface. At the top, there is a navigation bar with links: '사이트 소개', '데이터 분석 예시', '사용자 데이터 분석' (highlighted), and '고객의 소리'. Below the navigation bar, the title 'VCF To MAF' is displayed. The main content area features a large 'VCF To MAF' title, a red circular upload icon, and a text input field labeled '파일 선택 | 선택한 파일 없음'. Below the input field is a blue '제출' (Submit) button. At the bottom, a small note states: '참고: .vcf 파일만 허용되며 게놈 버전 hg38을 사용하여 생성된 파일만 허용됩니다.'

< 기타 분석 도구 화면 - VCF to MAF >

참고: .vcf 파일만 허용되며 게놈 버전 hg38을 사용하여 생성된 파일만 허용됩니다.

Your Results are ready kindly click link to download [vcf2maf-1700094568.111216](#)

< VCF to MAF 변환 결과 안내 메시지 >

Interpro

- Interpro는 알려진 단백질에서 발견되는 식별 가능한 기능을 새로운 단백질 서열에 적용할 수 있는 단백질 도메인, 단백질 패밀리 데이터베이스로써, 단백질 염기서열을 패밀리로 분류하고 도메인 및 중요 부위의 존재를 예측하여 기능 분석을 제공하는 리소스입니다.
- Interpro는 signatures 예측 모델을 사용합니다.
 - ① FASTA 형식의 서열정보를 입력 상자에 직접 입력하거나, [파일 선택] 버튼을 통해 아미노산 서열 정보를 담고 있는 FASTA 파일을 업로드 합니다.
 - ② 서열 정보 입력 또는 파일 업로드 후 [제출] 버튼을 누르면 분석이 시작됩니다.
 - ③ 분석 후 결과 파일을 다운로드 할 수 있습니다.

The screenshot shows the InterPro website's main interface. At the top, there are navigation links: '사이트 소개', '데이터 분석 예시', '사용자 데이터 분석' (highlighted), and '고객의 소리'. The InterPro logo is centered. Below it, a red circular icon with a white 'X' indicates an error or warning. A paragraph of text explains that InterPro tool is a protein sequence analysis tool that classifies protein sequences into domains and families and predicts functions. Below this, there are two input options: 'FASTA 형식의 서열' (FASTA format sequence) and '업로드 파일' (Upload file). The 'FASTA 형식의 서열' option has a text input field labeled '서열을 입력하세요' (Enter sequence). The '업로드 파일' option has a '파일 선택' (Select file) button and a '선택한 파일 없음' (No file selected) message. A blue '제출' (Submit) button is at the bottom. A small note at the bottom says '참고: 단백질 서열은 fasta 포맷이어야 합니다.' (Note: Protein sequence must be in fasta format).

< 기타 분석 도구 화면 - Interpro >

The screenshot shows a message box with the text '참고: 단백질 서열은 .fasta 포맷이어야 합니다.' (Note: Protein sequence must be in .fasta format). Below this, it says 'Your Results are ready kindly click link to download' followed by a blue link 'interpro-1700094723.708776'.

< Interpro 결과 안내 메시지 >

MAF Merger

- MAF Merger는 여러개의 MAF 파일을 입력해 1개의 파일로 병합하는 도구입니다.
 - 각 샘플 별 변이 정보를 담고 있는 여러개의 MAF 파일을 하나의 파일로 병합한 MAF 형식의 파일을 다운 받을 수 있고, 동시에 사용자 데이터 분석 서비스의 시각화 도구에 사용되는 DNA mutation 입력 파일로 활용할 수 있는 병합된 .tsv 파일도 다운 받을 수 있습니다.
- ① [여러 파일 선택] 버튼을 통해 병합시킬 MAF 파일을 업로드합니다.
 - ② 여러 개의 MAF 파일을 어볼드 후 [제출] 버튼을 누르면 병합이 시작됩니다.
 - ③ 병합 후 결과 파일을 다운로드 할 수 있습니다. (병합된 MAF 파일 및 DNA mutation 입력 파일)

< 기타 분석 도구 화면 - MAF Merger >

< MAF Merger 변환 결과 안내 메시지 >

RefVer Converter

- RefVer Converter는 사용자 VCF 파일의 참조 유전체 버전을 변환시켜주는 도구입니다.
 - 사용자 입력파일이 GRCh37(hg19) 버전이면 GRCh38(hg38)로 변환시켜주고, GRCh38(hg38) 버전의 입력파일을 넣으면 GRCh37(hg19) 버전으로 변환시켜주는 양방향 변환 도구입니다.
- ① [파일 선택] 버튼을 통해 변환할 VCF 파일을 업로드합니다.
 - ② 업로드 파일의 참조 유전체 버전을 선택합니다. (GRCh37 또는 GRCh38)
 - ③ 파일 업로드 및 업로드 파일의 참조 유전체 버전 선택 후 [제출] 버튼을 누르면 변환이 시작됩니다.
 - ④ 변환 후 결과 파일을 다운로드 할 수 있습니다.

사이트 소개 데이터 분석 예시 **사용자 데이터 분석** 고객의 소리

사용자 데이터 분석

홈 > 사용자 데이터 분석 > 기타 분석 도구 > RefVer Converter

RefVer Converter

업로드 파일 파일 선택 선택된 파일 없음

입력파일 게놈 버전 GRCh37 (hg19) ☒ GRCh38 (hg38) ☐

제출

참고: VCF 파일의 GRCh37(hg19) 과 GRCh38(hg38) 버전 간의 양방향 변환 기능 지원

< 기타 분석 도구 화면 - RefVer Converter >

참고: VCF 파일의 GRCh37(hg19) 과 GRCh38(hg38) 버전 간의 양방향 변환 기능 지원
변환이 완료되었습니다. 다운로드 링크([vcf-converter-prod-1700094238-989676](#))를 통해 변환 결과를 다운로드하세요.

< RefVer Converter 변환 결과 안내 메시지 >