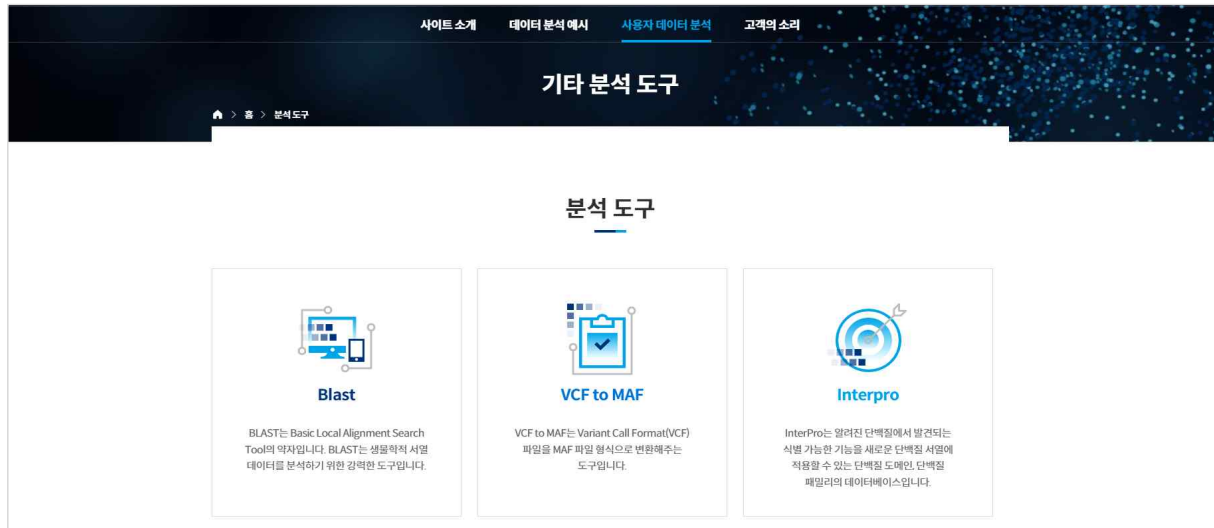


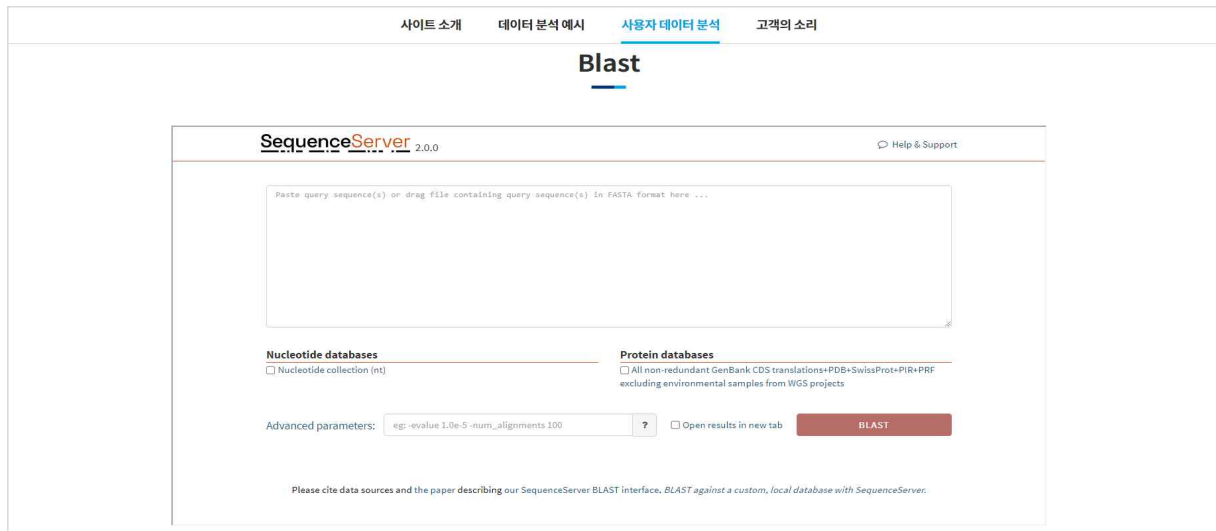
## 기타 분석 도구

- 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 사용하는 **BLAST**, **Interpro**, VCF 파일을 사용하는 **VCFtoMAF** 도구로 구성됩니다.



### 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 자동 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.



## 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.




## 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.

[사이트 소개](#) [데이터 분석 예시](#) [사용자 데이터 분석](#) [고객의 소리](#)

# Interpro



InterPro tool은 단백질 염기서열을 패밀리로 분류하고 도메인 및 중요 부위의 존재를 예측하여 기능 분석을 제공하는 리소스입니다.  
InterPro는 단백질을 분류하기 위해 InterPro 컨소시엄을 집합적으로 구성하는 여러 협력 데이터베이스에서 제공하는 signatures라는 예측 모델을 사용합니다.

FASTA 형식의 서열

시퀀스를 입력하세요

업로드 파일

파일 선택

선택된 파일 없음

제출

참고: 단백질 서열은 .fasta 포맷이어야 합니다.