Decona 도구를 사용하는 방법

1. **설치 과정**: Decona는 Linux에서만 지원되며, 작은 데이터 세트에 대해서는 Windows의 Ubuntu 명령 줄 앱도 작동하지만, 이는 권장되지 않습니다. Decona는 특정 버전에 민감하므로, 설치자는 필요한 모든 것을 포함하는 가상 Conda 환경을 만들어 줍니다. 모든 특정 버전이 포함되어 있지만, BLAST+ 명령 줄 애플리케이션은 제외되어 있습니다. BLAST 기능이 필요한 경우, NCBI BLAST+에서 다운로드할 수 있습니다.
2. **사용 방법**: Decona는 작업 디렉토리의 모든 fastq 파일에서 작동합니다. 따라서 실행하려는 파일만 있는 빈 디렉토리를 가지는 것이 좋습니다.
3. **분석 과정**: Decona는 demultiplexing (qcat)과 filtering (NanoFilt) 후에 CD-hit 알고리즘을 사용하여 읽기를 클러스터링합니다. 각 클러스터의 시퀀스는 그 후에 정렬되며 (Minimap2), Consensus 시퀀스가 생성되고 (Racon), 마지막으로 정제됩니다 (Medaka). 클러스터의 변이 호출 (특정 클러스터(즉, 유사한 시퀀스의 그룹) 내에서 발생하는 유전적 변이를 식별) (Medaka)은 선택 사항입니다.

참고로, Decona는 혼합된 (metabarcoding) 샘플에서 Consensus 시퀀스를 생성하는 명령 줄 도구입니다. 이 도구는 노트북 컴퓨터에서 사용할 수 있으므로 현장 조건에서 사용하기에 적합합니다. 최근에 Decona를 사용하여 300-7500 염기의 앰플리콘 데이터를 성공적으로 처리하였으며, 99.9% 이상의 리드를 달성하는 Consensus 시퀀스를 생성하였습니다.