

# ChIP-Seq/ATAC-Seq 분석을 간편하게

유전자 발현 연구에 Partek™ Flow™ 소프트웨어의 직관적인 분석 도구를 활용하여 통찰력을 얻어 보세요

유전체 전체에 걸친 유전자 조절(gene expression) 연구에 활용되는 ChIP-Seq, ATAC-Seq과 같은 강력한 분석 방법은 우리가 전사 인자 결합(transcription factor binding)이나 크로마틴 패키징(chromatin packaging)이 유전자 발현에 어떠한 영향을 주는지 더 명확하게 이해할 수 있게 해 줍니다. Partek Flow 소프트웨어는 ChIP-Seq 및 ATAC-Seq 데이터 분석에 사용되는 대부분의 커맨드 라인(command line) 기반 도구와는 달리 데이터의 분석 및 시각화에 손쉽게 사용할 수 있는 바이오인포매틱스(bioinformatics, 생명정보학) 솔루션으로, 유전자 발현 연구 시 연구자의 숙련도에 상관없이 최대한 많은 통찰력을 제공해 줍니다.

**ChIP-Seq**  
DNA-단백질 상호작용 확인

**ATAC-Seq**  
크로마틴 접근성 파악



### 포인트 앤 클릭 분석

맥락에 맞는 직관적인 인터페이스로 손쉽게 데이터 분석



### 고급 시각화 도구

단 몇 번의 클릭만으로 유용하고 바로 발표할 수 있는 시각화된 데이터 생성



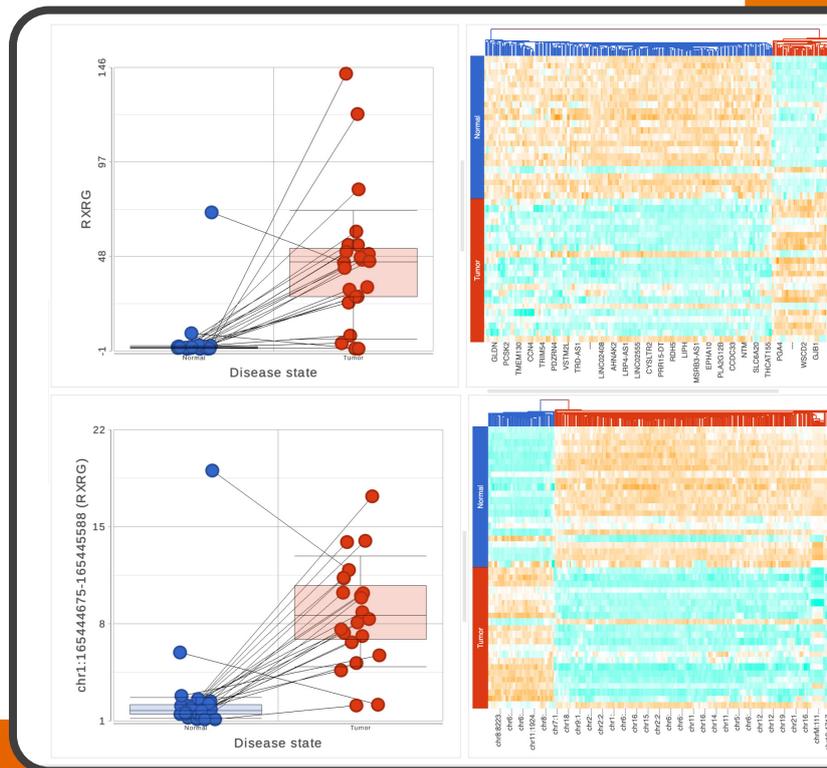
### 강력한 통계 기능

믿을 수 있는 결과를 제공하는 업계 표준 통계학적 알고리즘 사용



### 맞춤화 가능한 워크플로우

시각적으로 맞춤 분석 파이프라인을 구축하고 공동 연구자와 공유



## 강력한 분석 & 시각화 도구

Partek Flow 소프트웨어는 후성유전적 변화(epigenetic change)의 시계열(time series) 패턴 발견, 질병 조절 메커니즘 탐구, 뉴클레오솜(nucleosome)의 매핑, 전사 조절 인자의 연구 등 연구자가 원하는 ChIP-Seq 및 ATAC-Seq 데이터를 손쉽게 분석하고 시각화할 수 있는 도구를 제공합니다.

## 단 하나의 솔루션으로 데이터에서 생물학적 통찰력까지

정렬된 리드(Aligned read)나 정렬되지 않은 리드(unaligned read)를 가지고 어댑터 시퀀스(adapter sequence)와 저품질 염기(base)를 트리밍(trimming)하는 도구를 활용하는 ChIP-Seq 또는 ATAC-Seq 분석 파이프라인을 시작해 보세요. BWA, Bowtie 2, 기타 대중적인 aligner를 사용해 리드를 참조 유전체(reference genome)에 정렬할 수 있습니다. 또 피크(peak)의 검출 및 주석 처리(annotation), 관심 영역에서의 모티프(motif) 발견, 연구 결과를 RNA-Seq 데이터와 통합해 전사 인자가 유전자 발현 조절에 어떠한 영향을 주는지 연구할 수 있습니다. 분석 워크플로우의 주요 단계별로 QA 및 QC 보고서가 제공됩니다.

### ChIP-Seq/ATAC-Seq 워크플로우의 단계

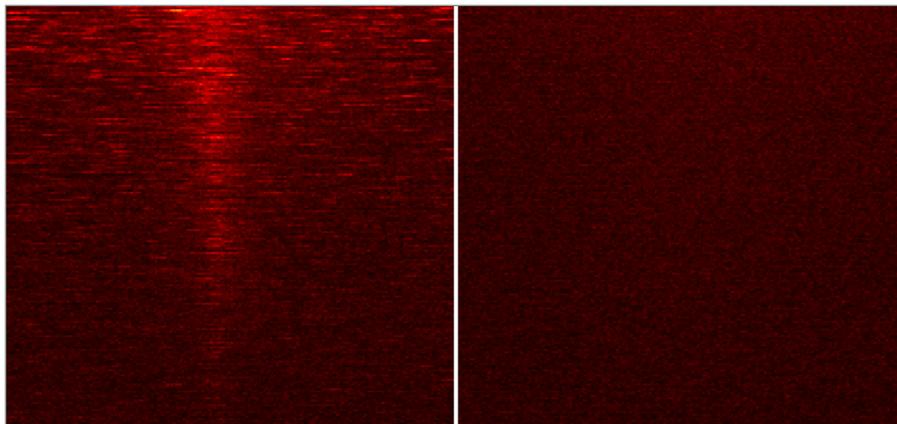
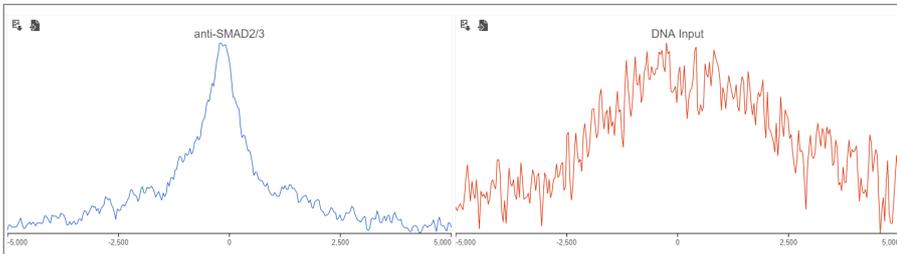


### Partek Flow 소프트웨어의 ChIP-Seq/ATAC-Seq 분석 도구

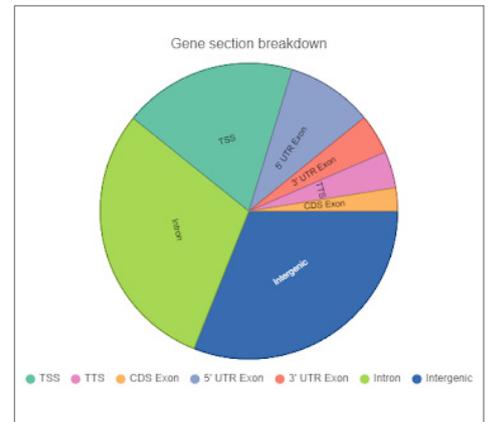
- MACS3를 사용한 피크 검출
- 검출 영역 내 리드 카운트의 정량
- 그룹 간 검출 영역 비교
- 원하는 유전자 주석 모델로 관심 있는 피크에 대한 주석 추가
- 관심 영역과 관련이 있는 유전자의 경로 인리치먼트(pathway enrichment) 분석 실행
- JASPAR 데이터베이스에 있는 알려진 모티프 검출
- 새로운 모티프 검출
- TSS 플롯으로 전사 시작 부위(transcription start site) 주변의 피크 영역 식별
- 시퀀스 로고(Sequence logo)로 공통 결합 시퀀스(consensus binding sequence) 시각화

# 다양한 ChIP-Seq 및 ATAC-Seq 데이터 탐구 방법

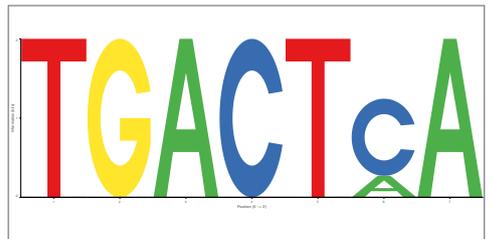
ChIP-Seq 데이터와 ATAC-Seq 데이터를 인터랙티브 그림으로 변환하고 후성유전체학(epigenomics) 연구에서 얻은 생물학적 통찰력을 최대한 활용해 보세요. Partek Flow 소프트웨어에 통합되어 있는 Genome Browser는 간편하게 피크와 공통 시퀀스 모티프를 시각화해 줍니다. 이렇게 시각화된 데이터는 바로 발표할 수 있는 이미지로 손쉽게 저장할 수 있습니다.



관심 있는 리드를 TSS에 매핑할 수 있음



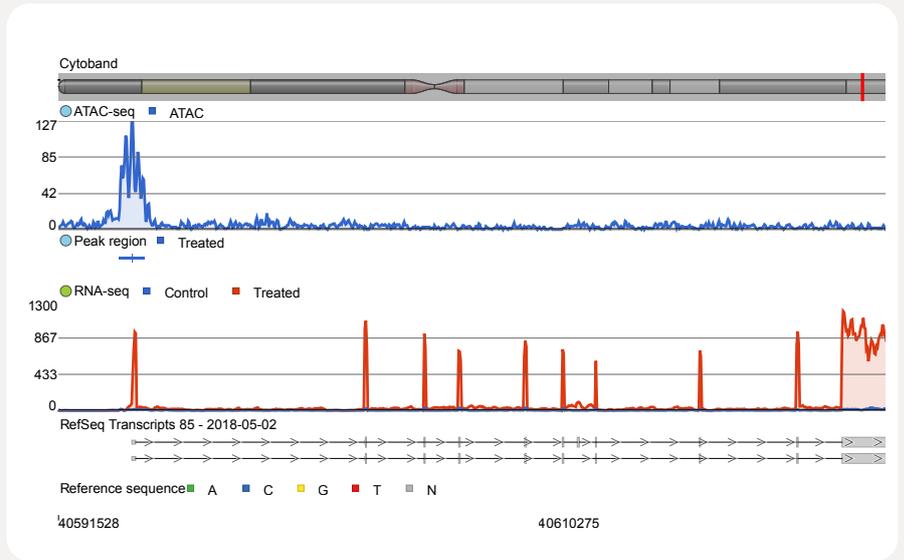
파이 차트를 사용하여 풍부하게 발현된 영역에 대한 주석을 유전자별로 요약할 수 있음



관심 영역에서 시퀀스 로고를 사용하여 공통 시퀀스 모티프를 발견할 수 있음

# 멀티오믹스 통찰력 확보를 위한 플랫폼 간 통합

다양한 오믹스(omics) 데이터 세트를 동시에 분석하면 표현형(phenotype)의 기초가 되는 분자 메커니즘에 대한 보다 완전한 그림을 얻을 수 있습니다. Partek Flow 소프트웨어는 ChIP-Seq 또는 ATAC-Seq 데이터를 RNA-Seq 연구에 간편하게 통합할 수 있도록 해 줍니다. 벤 다이어그램(Venn diagram)을 이용하면 ChIP-Seq 데이터로 생성한 표적 유전자 목록을 RNA-Seq 데이터로 생성한 차등 발현 유전자(differentially expressed gene)의 목록과 비교할 수 있습니다. 또한 Data Viewer로 피크와 차등 발현 유전자를 염색체와 함께 시각화하여 유전자 발현 및 조절에 대한 종합적인 그림을 확보할 수 있습니다.



ChIP-Seq/ATAC-Seq 데이터를 RNA-Seq 데이터와 통합하여 멀티오믹스 통찰력을 얻을 수 있음

## 더 알아보기

Partek Flow 소프트웨어

데모 신청하기

약어: ATAC-Seq = assay for transposase-accessible chromatin with sequencing; BWA = Burrows-Wheeler aligner; ChIP-Seq = chromatin immunoprecipitation with sequencing; MACS3 = model-based analysis of ChIP-Seq(모델 기반의 ChIP-Seq 분석); QA = quality assurance(품질 보증); QC = quality control(품질 관리); RNA-Seq = RNA sequencing(RNA 시퀀싱); TSS = transcription start site(전사 시작 부위)

illumina®

무료 전화(한국) 080-234-5300  
techsupport@illumina.com | www.illumina.com

© 2025 Illumina, Inc. All rights reserved.  
모든 상표는 Illumina, Inc. 또는 각 소유주의 자산입니다.  
특정 상표 정보는 [www.illumina.com/company/legal.html](http://www.illumina.com/company/legal.html)을 참조하십시오.

M-GL-03005 v1.0 KOR

연구 전용입니다. 진단 절차에는 사용할 수 없습니다.