

Software Partek™ Flow™

Plataforma bioinformática
fácil de usar para el análisis
de datos multiómicos

- Analice conjuntos de datos multiómicos de forma sencilla con una interfaz de usuario intuitiva.
- Consiga resultados en los que pueda confiar con algoritmos sólidos para el análisis de datos.
- Simplifique la interpretación biológica con visualizaciones interactivas y personalizables.



Acelere la obtención de información de datos multiómicos

Los científicos adoptan cada vez más enfoques multiómicos para impulsar el descubrimiento biológico a varios niveles y establecer mejor el vínculo entre el genotipo y el fenotipo. Al combinar datos genómicos con datos de otras modalidades que miden la expresión genética, la regulación génica y los niveles de proteínas, la multiómica proporciona una visión más holística de la actividad celular y permite obtener información biológica más detallada. Sin embargo, el análisis de los grandes volúmenes de los datos generados en los estudios multiómicos suele requerir conocimientos teórico-prácticos avanzados en bioinformática. Además, la integración de los resultados y la visualización de los datos de varios ensayos plantean un cuello de botella considerable para los laboratorios.

Para abordar estos desafíos, Illumina ofrece el software Partek Flow, una plataforma bioinformática fácil de usar para analizar y visualizar células individuales, la expresión genética, la secuenciación con inmunoprecipitación de cromatina (ChIP-Seq) y la transcriptómica espacial, entre otros datos empleados para la investigación multiómica. Este intuitivo software de análisis genómico permite a los investigadores de todos los niveles de competencia aprovechar al máximo la información de los datos con una interfaz fácil de usar, algoritmos estadísticos sólidos, visualizaciones repletas de información y herramientas genómicas de vanguardia para el análisis de datos.

Solución integrada

Illumina ofrece un conjunto integral de herramientas genómicas para posibilitar los análisis multiómicos con flujos de trabajo creados para respaldar tendencias y avances emergentes en la investigación multiómica. El software Partek Flow es compatible con los datos generados mediante los flujos de trabajo de NGS de Illumina (figura 1) y permite obtener información multiómica en alta resolución. El software admite archivos de entrada resultantes del análisis secundario de DRAGEN™ o de cualquier otra plataforma de algún tercero para lograr la máxima flexibilidad.

Interfaz fácil de usar

El software Partek Flow cuenta con una interfaz gráfica de usuario intuitiva ideal para aquellas personas con poca experiencia en bioinformática (figura 2). Las sencillas acciones de apuntar y hacer clic y los menús contextuales presentan opciones pertinentes que simplifican el proceso de creación de procesos. Los cuadros de diálogo de fácil comprensión explican los pasos de análisis y visualización a medida que estos van apareciendo, lo que faculta a los usuarios para realizar el análisis de datos con confianza y facilidad. Además, en el caso de los laboratorios de análisis y los usuarios con conocimientos teórico-prácticos de bioinformática, el software Partek Flow permite acceder a herramientas avanzadas, procesos personalizables y controles de usuario.



Figura 1: El software Partek Flow se integra con los flujos de trabajo de NGS de Illumina. El software Partek Flow admite archivos de datos generados con el análisis secundario de DRAGEN y otras plataformas disponibles en el mercado para el análisis, la visualización y la interpretación biológica de datos multiómicos.



Figura 2: Interfaz de usuario del software Partek Flow. La interfaz gráfica permite a los usuarios realizar análisis con acciones sencillas de apuntar y hacer clic. El software Partek Flow se puede instalar en un servidor, en un grupo y en la nube, y se puede acceder a él desde cualquier navegador en el dispositivo que prefiera.

Con el software Partek Flow, los investigadores pueden producir visualizaciones listas para su publicación, compartir procesos de análisis personalizados con sus colaboradores, reunir datos multiómicos y fenotípicos, aumentar las cohortes para incluir conjuntos de datos públicos seleccionados y así lograr estudios de gran poder estadístico, y llevar a cabo análisis estadísticos, todo ello en una única plataforma.

Potentes herramientas de análisis multiómico

La integración de los resultados de modalidades complementarias, incluidas la genómica, la transcriptómica, la epigenómica y la proteómica, en conjuntos de datos multiómicos aporta una imagen más completa de la actividad celular y contribuye a extraer información de alta calidad de cada muestra. El software Partek Flow ofrece una compatibilidad integral con aplicaciones multiómicas y admite una amplia gama de entradas (tabla 1). El software incluye herramientas de análisis creadas con algoritmos estadísticos estándar del sector públicamente disponibles para que los investigadores puedan confiar en sus resultados (tabla 2).

En cada paso del proceso, desde los datos sin procesar hasta las llamadas de variantes, el software Partek Flow proporciona informes completos de control de calidad para comprobar la calidad de los datos y ofrece herramientas para eliminar los datos de baja calidad.

El software permite la creación simultánea de perfiles de alta resolución del genoma, el transcriptoma, el epigenoma y el proteoma. Los usuarios pueden explorar los datos multiómicos de las siguientes maneras:

- Evaluando las relaciones entre las diferentes capas ómicas (figura 3)
- Separando y combinando varias modalidades para detectar relaciones ocultas (figura 4)
- Conservando la información pertinente para cada capa ómica y, a continuación, fusionando matrices para explorar los datos individuales y combinados (figura 5)

Las herramientas de análisis y visualización incluidas en el software Partek Flow admiten una amplia gama de aplicaciones, incluidas la secuenciación del ADN, la RNA-Seq y la ChIP-Seq/ATAC-Seq, entre otras (tabla 3). Los complementos para el análisis espacial y de células individuales y el análisis de vías se pueden adquirir a conveniencia.

Tabla 1: Formatos de archivo de entrada compatibles

| Aplicación | Formato del archivo de entrada ^a |
|----------------------------------|--|
| Secuenciación de ADN | BAM, BCF, BCL, CBCL, FASTA, FASTA.GZ, FASTQ, FASTQ.GZ, SAM, SRA, VCF y VCF.GZ |
| RNA-Seq | BAM, BCL, CBCL, matriz de recuentos (CSV, TSV y TXT), FASTA, FASTA.GZ, FASTQ, FASTQ.GZ, SAM y SRA. |
| Análisis de células individuales | Matriz de recuentos (CSV, TSV y TXT), H5, H5AD, matriz dispersa (MTX), objetos Seurat (RDS y QS) y BED |
| Análisis espacial | 10x Space Ranger y NanoString CosMx |
| ChIP-Seq/ATAC-Seq | BAM, CBCL, matriz de recuentos (CSV, TSV y TXT), FASTA, FASTA.GZ, FASTQ, FASTQ.GZ, SAM y SRA. |
| Metagenómica | CBCL, FASTA, FASTA.GZ, FASTQ, FASTQ.GZ y SRA |
| Análisis de microarrays | CEL y matriz de intensidad (CSV, TSV y TXT) |
| Proteómica | Olink (TXT), SomaLogic (ADAT) y Akoya (CSV y TXT) |

a. La lista no es exhaustiva.

Tabla 2: Análisis estadísticos incluidos en el software Partek Flow

| Aplicación | Análisis estadístico |
|---------------------------------|---|
| Normalización y adaptación | RPKM, TMM, scTransform, deconvolución de Scrán, normalización de TF-IDF, etc. |
| Reducción de la dimensionalidad | PCA, t-SNE, UMAP y SVD |
| Eliminación del efecto de lote | Modelo lineal general, armonía e integración de Seurat3 |
| Generación de grupos | Generación de grupos de K-medias, jerárquicos y mediante gráficos |
| Análisis diferencial | DESeq2, GSA, modelo Hurdle, LIMMA-trend, LIMMA-voom, regresión binomial negativa, regresión de Poisson, ANOVA unidireccional, ANOVA no paramétrico (pruebas de Kruskal-Wallis y Dunn), ANOVA de Welch, ANOVA multifactorial, y ANOVA de corte y empalme alternativo |
| Otras | Análisis de la supervivencia (regresión de Kaplan-Meier y Cox), análisis de correlación, cálculo de biomarcadores y estadísticas descriptivas |

ANOVA, análisis de la varianza; GSA, análisis específico de genes; LIMMA, modelos lineales para datos de microarray; PCA, análisis de componentes principales; RPKM, lecturas por kilobase por millón de lecturas asignadas; SVD, descomposición en valores singulares; TF-IDF, frecuencia de términos - frecuencia inversa de documentos; TMM, media truncada de los valores M; t-SNE, inclusión de vecinos estocásticos distribuidos en t; UMAP, aproximación y proyección uniforme múltiple.

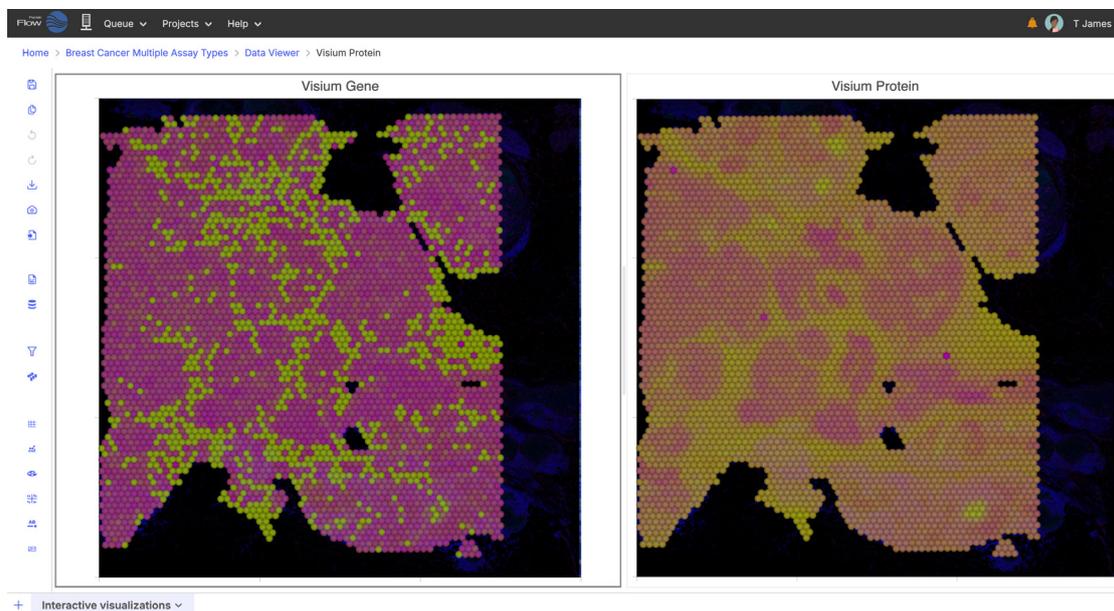


Figura 3: Combinación de datos de expresión de características con información histológica para la transcriptómica espacial. El resultado de la muestra del visor de datos de Partek Flow muestra datos transcriptómicos espaciales coloreados en función de la expresión de *BCL2* para la expresión genética (izquierda) y proteica (derecha).

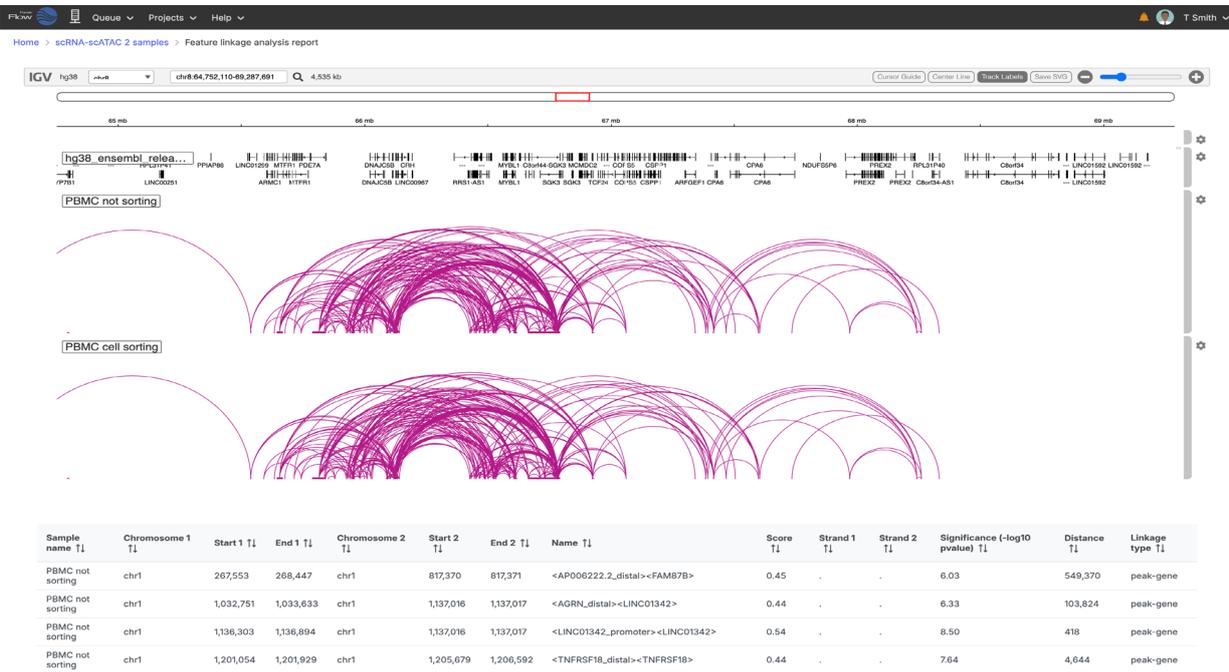


Figura 4: Exploración simultánea de capas multiómicas de datos. Resultado de una muestra del software Partek Flow que muestra los resultados de vinculación de características correspondientes a conjuntos de datos de RNA-Seq y ATAC-Seq de células individuales para el estudio conjunto de la expresión genética y los posibles reguladores.



Figura 5: Obtenga una visión integral de la actividad celular con los datos integrados de RNA-Seq y CITE-Seq. El resultado de la muestra generado mediante aproximación y proyección uniforme múltiple (UMAP, uniform manifold approximation and projection) para la reducción de dimensiones sirve para perfilar datos transcriptómicos y proteómicos simultáneamente, lo que proporciona una visión doble de los estados celulares. CITE-Seq, indexación celular de transcriptomas y epítomos mediante secuenciación.

Tabla 3: Aplicaciones admitidas disponibles en el software Partek Flow

| Aplicación | Descripción |
|--|---|
| Secuenciación de ADN | Llamada de variantes germinales y somáticas; detección de SNP, indels y CNV; anotación y clasificación de variantes; detección de variantes conocidas y nuevas; y predicción del efecto de las variantes sobre la actividad biológica |
| RNA-Seq | Identificación de genes expresados de forma diferencial y cortes y empalmes alternativos, y visualización de los resultados de expresión de isoformas con el explorador integrado del genoma |
| ChIP-Seq/ATAC-Seq | Exploración de la regulación genética y la accesibilidad a la cromatina, integración de los resultados de ChIP-Seq o ATAC-Seq con datos de RNA-Seq, y visualización de las lecturas alineadas y las regiones de pico detectadas con la vista de cromosomas |
| Metagenómica | Acceso a una clasificación metagenómica ultrarrápida con Kraken2 y potentes herramientas estadísticas para una identificación taxonómica precisa de las lecturas de secuenciación con el fin de detectar cambios reveladores en la diversidad microbiana |
| Microarray | Importación de datos de microarrays, alineación con el genoma de referencia o cuantificación frente al transcriptoma, análisis de los resultados con potentes algoritmos estadísticos multivariante, comparación de los resultados con conjuntos de datos de NGS y visualización de los resultados |
| Análisis espacial y de células individuales ^a | Clasificación automática de células individuales, superposición de datos de expresión genética para visualizar las relaciones espaciales, análisis de datos para identificar patrones en la expresión genética o proteica, comparación de poblaciones de tipos celulares entre muestras, análisis y visualización de varias muestras juntas o de forma independiente, y exploración de grupos en su contexto espacial |
| Partek Pathway ^a | Cálculo del enriquecimiento de la vía, detección de vías alteradas o influyentes, búsqueda de genes y vías específicos, y codificación de genes por colores en función de los valores de p y duplicación de los cambios para visualizar las relaciones genéticas |

a. Se puede adquirir por separado como complemento del software Partek Flow.

Flujos de trabajo flexibles y ampliables

El software Partek Flow ofrece las herramientas avanzadas, los controles de administración de usuarios y las capacidades de ampliación flexibles que necesitan los laboratorios de análisis y las organizaciones empresariales para mejorar la eficiencia operativa. Los laboratorios pueden crear procesos de análisis personalizados para estandarizar y automatizar las tareas más frecuentes y, a continuación, compartir flujos de trabajo y datos fácilmente con los colaboradores sin necesidad de transferir datos. El software Partek Flow se puede instalar en una ubicación centralizada, lo que permite a los laboratorios gestionar el acceso de los usuarios, revisar los registros de auditoría, cambiar la prioridad de las tareas a conveniencia y configurar el control automatizado a través de la API REST en un entorno seguro. Además, el software Partek Flow ofrece las herramientas empresariales necesarias para almacenar, gestionar y analizar de forma colaborativa grandes conjuntos de datos genómicos. Ya utilice una implementación en la nube, en grupo o en servidor, el software Partek Flow proporciona recursos informáticos elásticos y la flexibilidad de ampliar los flujos de trabajo para satisfacer las necesidades que cambian constantemente.

Resumen

El software Partek Flow es una plataforma bioinformática fácil de usar que permite simplificar el análisis de la secuenciación de nueva generación (NGS, next-generation sequencing) y los datos multiómicos a gran escala en una interfaz de usuario visual. El software admite varias aplicaciones, incluidas la secuenciación de ADN, la RNA-Seq a gran escala, la ChIP-Seq/ATAC-Seq, el análisis de células individuales, la transcriptómica espacial, el análisis de vías, el análisis de microarrays y la metagenómica. Los sólidos algoritmos estadísticos, las visualizaciones repletas de información, una interfaz interactiva y las herramientas genómicas de tecnología punta facultan a los investigadores para analizar sus datos con confianza, sin necesidad de conocimientos teórico-prácticos avanzados en bioinformática.

El software Partek Flow ofrece opciones y herramientas de instalación flexibles para amoldarse a cada usuario, laboratorio de análisis y gran organización empresarial.

Más información

[Software Partek Flow](#)

[Métodos multiómicos](#)

Datos para realizar pedidos

Para consultas de cualificación, Illumina ofrece una prueba gratuita de 14 días del software Partek Flow, lo que permite a los usuarios trabajar con datos disponibles públicamente o cargar sus propios datos. Hay disponibles ediciones para laboratorios o grandes empresas. [Póngase en contacto con un representante de ventas de Illumina](#) para obtener más información.



1 800 809 4566 (llamada gratuita, EE. UU.) | tel.: +1 858 202 4566
techsupport@illumina.com | www.illumina.com

© 2024 Illumina, Inc. Todos los derechos reservados. Todas las marcas comerciales pertenecen a Illumina, Inc. o a sus respectivos propietarios. Si desea consultar información específica sobre las marcas comerciales, consulte www.illumina.com/company/legal.html.
M-GL-03002 ESP v1.0