

Logiciel Partek^{MC} Flow^{MC}

Plateforme bioinformatique
conviviale pour l'analyse
des données multiomiques

- Analysez facilement les ensembles de données multiomiques à l'aide d'une interface utilisateur intuitive
- Obtenez des résultats fiables grâce à des algorithmes robustes pour l'analyse des données
- Simplifiez l'interprétation biologique avec des visualisations interactives et personnalisables



Obtenez plus rapidement des renseignements à partir des données multiomiques

Les approches multiomiques sont de plus en plus adoptées par les scientifiques pour alimenter la découverte à plusieurs niveaux biologiques et mieux relier le génotype au phénotype. En combinant les données génomiques avec les données d'autres modalités mesurant l'expression génique, la régulation génique et les niveaux de protéines, la multiomique fournit une vision plus holistique de la fonction cellulaire et permet l'obtention de renseignements biologiques plus approfondis. Cependant, l'analyse de gros volumes de données générées dans les études multiomiques nécessite généralement une expertise avancée en bioinformatique. De plus, l'intégration des résultats et la visualisation des données de plusieurs tests représentent un goulot d'étranglement important pour les laboratoires.

Pour aider à relever ces défis, Illumina propose le logiciel Partek Flow, une plateforme bioinformatique conviviale pour l'analyse et la visualisation des cellules uniques, de l'expression génique, du séquençage par immunoprécipitation de la chromatine (ChIP-Seq), de la transcriptomique spatiale et d'autres données utilisées pour la recherche multiomique. Ce logiciel intuitif d'analyse génomique permet aux chercheurs de tous les niveaux d'optimiser les renseignements issus des données grâce à une interface facile à utiliser, à des algorithmes statistiques fiables, à des visualisations riches en renseignements et à des outils génomiques de pointe pour l'analyse des données.

Solution intégrée

Illumina propose une suite complète d'outils génomiques pour permettre les analyses multiomiques avec des flux de travail conçus pour prendre en charge les tendances émergentes et les avancées en recherche multiomique. Le logiciel Partek Flow est compatible avec les données générées à l'aide des flux de travail de séquençage de nouvelle génération (SNG) d'Illumina (figure 1) et permet l'obtention de renseignements multiomiques haute résolution. Le logiciel prend en charge les fichiers d'entrée de l'analyse secondaire DRAGEN^{MC} ou de toute plateforme tierce pour une flexibilité maximale.

Interface conviviale

Le logiciel Partek Flow dispose d'une interface utilisateur graphique intuitive idéale pour les personnes ayant une expérience limitée en bioinformatique (figure 2). Les actions simples de type pointer-cliquer et les menus contextuels présentent des options pertinentes qui simplifient le processus de création de pipelines. Les dialogues faciles à comprendre expliquent les étapes de l'analyse et de la visualisation au fur et à mesure qu'elles surviennent, permettant aux utilisateurs d'effectuer l'analyse des données en toute confiance et aisance. De plus, pour les laboratoires centraux et les utilisateurs ayant une expertise en bioinformatique, le logiciel Partek Flow fournit un accès à des outils avancés, à des pipelines personnalisables et à des commandes utilisateur.

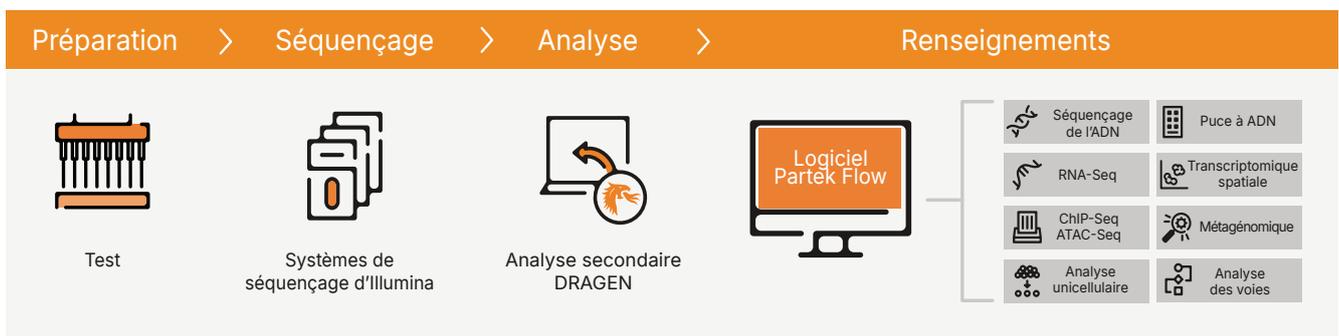


Figure 1 : Le logiciel Partek Flow s'intègre aux flux de travail de SNG d'Illumina : le logiciel Partek Flow prend en charge les fichiers de données générés avec l'analyse secondaire DRAGEN et d'autres plateformes disponibles sur le marché pour l'analyse, la visualisation et l'interprétation biologiques des données multiomiques.



Figure 2 : Interface utilisateur du logiciel Partek Flow : l'interface graphique permet aux utilisateurs d'effectuer des analyses avec des gestes simples de pointer-cliquer. Le logiciel Partek Flow peut être installé sur un serveur, un instrument de génération d'amplifiants et dans le nuage et est accessible depuis n'importe quel navigateur sur l'appareil de votre choix.

Avec le logiciel Partek Flow, les chercheurs peuvent générer des visualisations prêtes à être publiées, partager des pipelines d'analyse personnalisés avec des collaborateurs, agréger des données multi-omiques et phénotypiques, augmenter les cohortes pour inclure des ensembles de données publiques organisés pour des études bien conçues et effectuer des analyses statistiques, le tout sur une seule plateforme.

Des outils d'analyse multi-omique puissants

L'intégration des résultats de modalités complémentaires, y compris la génomique, la transcriptomique, l'épigénomique et la protéomique, dans des ensembles de données multi-omiques offre une image plus complète de la fonction cellulaire et permet d'extraire plus de renseignements de haute qualité de chaque échantillon. Le logiciel Partek Flow offre une prise en charge complète des applications multi-omiques et est compatible avec une large gamme d'entrées (tableau 1). Le logiciel comprend des outils d'analyse conçus à l'aide d'algorithmes statistiques publics standard de l'industrie afin que les chercheurs puissent avoir confiance en leurs résultats (tableau 2).

À chaque étape du processus, des données brutes aux appels de variants, le logiciel Partek Flow fournit des rapports complets d'assurance qualité/de contrôle qualité (AQ/CQ) pour vérifier la qualité des données et des outils pour supprimer les données de faible qualité.

Le logiciel permet un profilage haute résolution simultanée du génome, du transcriptome, de l'épigénome et du protéome. Les utilisateurs peuvent explorer les données multi-omiques de la manière suivante :

- Évaluer les relations entre les différentes couches d'omique (figure 3).
- Séparer et combiner diverses modalités pour découvrir les relations cachées (figure 4).
- Conserver les renseignements pertinents pour chaque couche d'omique, puis fusionner les matrices pour explorer les données individuelles et combinées (figure 5).

Les outils d'analyse et de visualisation inclus dans le logiciel Partek Flow prennent en charge de nombreuses applications, notamment le séquençage de l'ADN, le RNA-Seq, le CHIP-Seq/l'ATAC-Seq, et plus encore (tableau 3). Des options complémentaires peuvent être achetées, le cas échéant, pour l'analyse unicellulaire et spatiale et l'analyse des voies.

Tableau 1 : Formats de fichiers d'entrée pris en charge

Application	Format du fichier d'entrée ^a
Séquençage de l'ADN	BAM, BCF, BCL, CBCL, FASTA, FASTA.GZ, FASTQ, FASTQ.GZ, SAM, SRA, VCF, VCF.GZ
Séquençage de l'ARN	BAM, BCL, CBCL, matrice de comptage (CSV, TSV, TXT), FASTA, FASTA.GZ, FASTQ, FASTQ.GZ, SAM, SRA.
Analyse unicellulaire	Matrice de comptage (CSV, TSV, TXT), H5, H5AD, matrice creuse (MTX), objets Seurat (RDS, QS), BED
Analyse spatiale	10x Space Ranger, NanoString CosMx
CHIP-Seq/ ATAC-Seq	BAM, CBCL, matrice de comptage (CSV, TSV, TXT), FASTA, FASTA.GZ, FASTQ, FASTQ.GZ, SAM, SRA
Métagénomique	CBCL, FASTA, FASTA.GZ, FASTQ, FASTQ.GZ, SRA
Analyse des puces à ADN	CEL, matrice d'intensité (CSV, TSV, TXT)
Protéomique	Olink (TXT), SomaLogic (ADAT), Akoya (CSV, TXT)

a. La liste n'est pas exhaustive.

Tableau 2 : Analyses statistiques incluses dans le logiciel Partek Flow

Application	Analyse statistique
Normalisation et ajustement	RPKM, TMM, scTransform, déconvolution Scran, normalisation TF-IDF, etc.
Réduction de dimensionnalité	PCA, t-SNE, UMAP, SVD
Suppression de l'effet de lot	Modèle linéaire général, Harmony, intégration Seurat3
Génération d'amplifiats	K-moyennes, analyse de la génération d'amplifiats basée sur des graphiques et la hiérarchie
Analyse différentielle	DESeq2, GSA, modèle Hurdle, LIMMA-trend, LIMMA-voom, régression binomiale négative, régression de Poisson, ANOVA à un facteur, ANOVA non paramétrique (tests de Kruskal-Wallis et de Dunn), ANOVA de Welch, ANOVA à plusieurs facteurs et ANOVA de l'épissage alternatif
Autres	Analyse de la survie (régression de Kaplan-Meier et Cox), analyse de corrélation, calcul de biomarqueurs, statistiques descriptives

ANOVA, Analysis of Variance (analyse de la variance); GSA, Gene-specific Analysis (analyse spécifique aux gènes); LIMMA, Linear Models for Microarray Data (modèles linéaires pour les données de puces à ADN); PCA, Principal Component Analysis (analyse de composant principal); RPKM, Reads per Kilobase per Million mapped reads (lectures par kilobase par million de lectures cartographiées); SVD, Singular Value Decomposition (décomposition en valeurs singulières); TF-IDF, Term Frequency-Inverse Document Frequency (fréquence d'un terme-Fréquence inverse de document); TMM, Trimmed Mean of M-values (moyenne élaguée des valeurs M); t-SNE, t-distributed Stochastic Neighbor Embedding (inclusion de voisins stochastiques distribués en t); UMAP, Uniform Manifold Approximation and Projection (approximation et projection uniformes du collecteur).

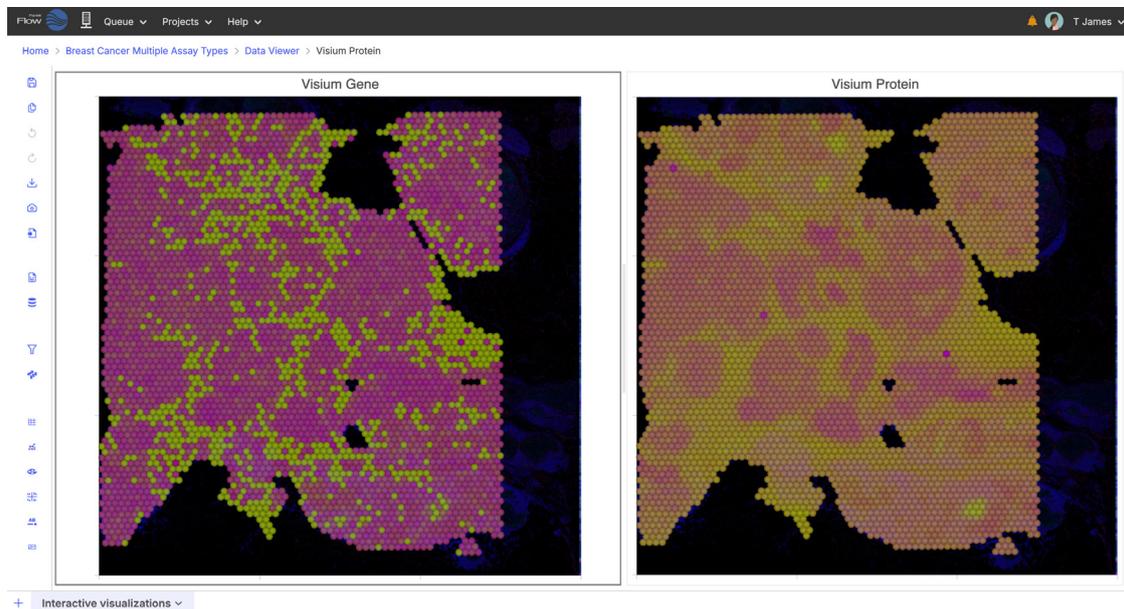


Figure 3 : Combinez les données d'expression des caractéristiques avec l'histologie pour la transcriptomique spatiale : le débit d'échantillons de la visionneuse de données Partek Flow affiche les données de transcriptomique spatiale colorées en fonction de l'expression de *BCL2* pour l'expression génique (gauche) et protéique (droite).

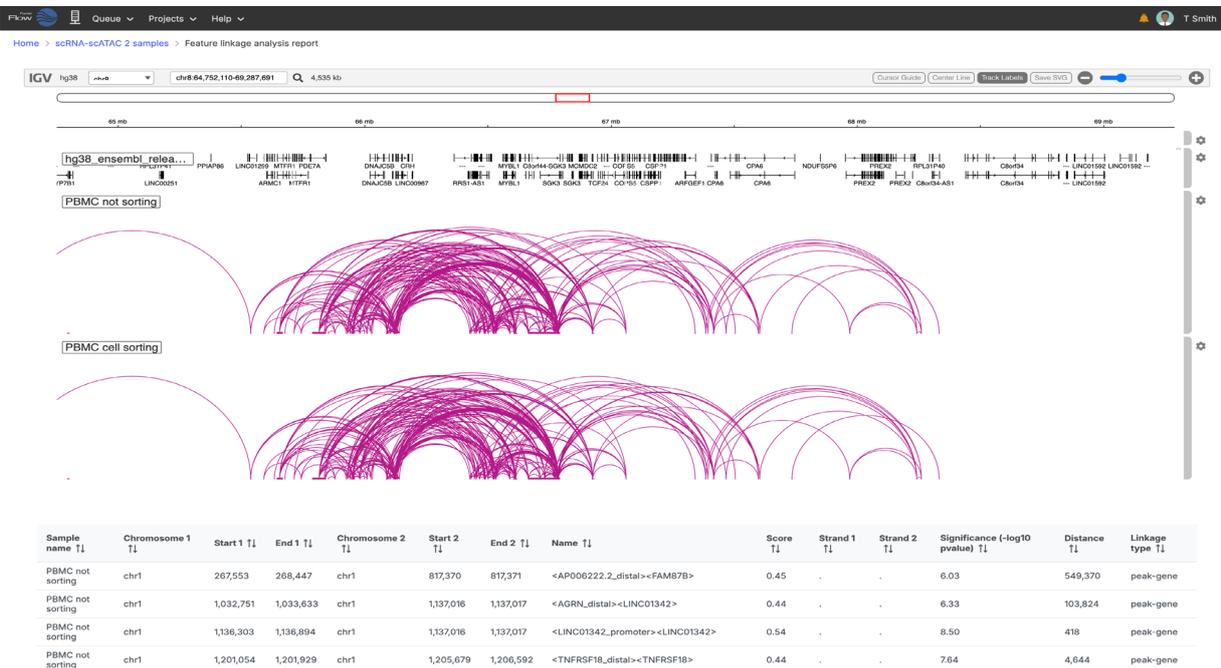


Figure 4 : Explorez simultanément les couches multiomiques de données : le débit d'échantillons du logiciel Partek Flow montre les résultats de liaison génétique des caractéristiques pour les ensembles de données de RNA-Seq et d'ATAC-Seq unicellulaires pour étudier ensemble l'expression génique et les régulateurs potentiels.

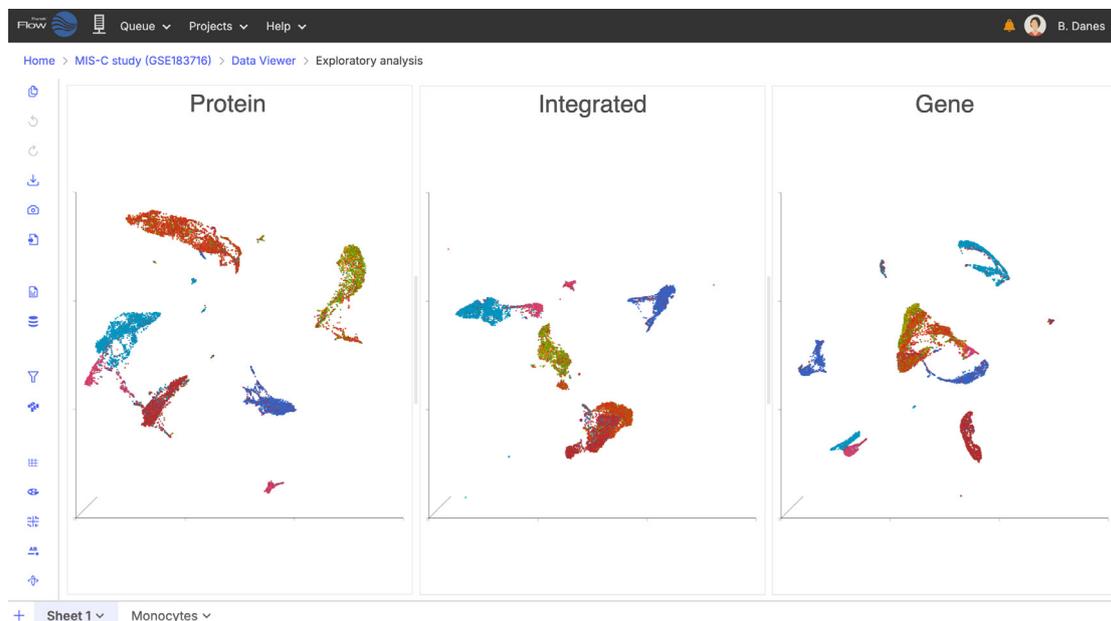


Figure 5 : Obtenez une vision holistique de la fonction cellulaire avec les données RNA-Seq et CITE-Seq intégrées : le débit d'échantillons généré à l'aide de l'approximation et de la projection uniformes du collecteur (UMAP, Uniform Manifold Approximation and Projection) pour la réduction de dimension est utilisé pour profiler simultanément les données transcriptomiques et protéomiques, offrant ainsi une double vue des états cellulaires. CITE-Seq : indexage cellulaire des transcriptomes et des épitopes par séquençage (Cellular Indexing of Transcriptomes and Epitopes by Sequencing).

Tableau 3 : Prise en charge de l'application disponible dans le logiciel Partek Flow

Application	Description
Séquençage de l'ADN	Appelez les variants germinaux et somatiques, détectez les polymorphismes mononucléotidiques, les indels et les variants du nombre de copies, annotez et classez les variants, détectez les variants connus et nouveaux et prédiriez l'impact des variants sur la fonction biologique.
Séquençage de l'ARN	Identifiez les gènes exprimés de manière différentielle et l'épissage alternatif et visualisez les résultats de l'expression isoforme grâce au navigateur génomique intégré.
ChIP-Seq/ATAC-Seq	Explorez la régulation génique et l'accessibilité à la chromatine, intégrez les résultats du ChIP-Seq ou de l'ATAC-Seq aux données de RNA-Seq et visualisez les lectures alignées et les régions de pic détectées avec la vue chromosomique.
Métagénomique	Accédez à une classification métagénomique ultrarapide avec Kraken2 et de puissants outils statistiques pour une identification taxonomique précise des lectures de séquençage afin de découvrir des changements significatifs dans la diversité microbienne.
Puce à ADN	Importez les données des puces à ADN, alignez-les sur le génome de référence ou quantifiez-les par rapport au transcriptome, analysez les résultats à l'aide d'algorithmes statistiques multivariés puissants, comparez les résultats avec les ensembles de données de SNG et visualisez les résultats.
Analyse unicellulaire et spatiale ^a	Classez automatiquement les cellules uniques, superposez les données d'expression génique pour visualiser les relations spatiales, analysez les données pour identifier les modèles d'expression génique ou protéique, comparez les populations de types cellulaires entre les échantillons, analysez et visualisez plusieurs échantillons ensemble ou indépendamment, et explorez les amplifiats dans leur contexte spatial.
Partek Pathway ^a	Calculez l'enrichissement des voies, détectez les voies perturbées ou influentes, recherchez des voies et des gènes spécifiques, et utilisez un code de couleur pour les gènes en fonction des valeurs p et des modifications de facteur pour visualiser les relations entre les gènes.

a. Peut être acheté séparément en tant qu'option pour le logiciel Partek Flow.

Flux de travail flexibles et évolutifs

Le logiciel Partek Flow offre les outils avancés, les commandes d'administration des utilisateurs et les capacités d'évolution flexibles dont les laboratoires centraux et les grandes entreprises ont besoin pour améliorer l'efficacité opérationnelle. Les laboratoires peuvent créer des pipelines d'analyse personnalisés pour normaliser et automatiser les tâches les plus fréquemment utilisées, puis partager facilement les flux de travail et les données avec les collaborateurs sans transférer de données. Le logiciel Partek Flow peut être installé à un emplacement centralisé pour permettre aux laboratoires de gérer l'accès des utilisateurs, d'examiner les pistes de vérification, de hiérarchiser à nouveau les tâches si nécessaire et de configurer un contrôle automatisé via l'API REST dans un environnement sécurisé. De plus, le logiciel Partek Flow offre les outils d'entreprise nécessaires pour le stockage, la gestion et l'analyse collaborative de grands ensembles de données génomiques. Qu'il s'agisse d'un déploiement dans le nuage, sur un instrument de génération d'amplifiats ou sur un serveur, le logiciel Partek Flow fournit des ressources informatiques extensibles et la flexibilité nécessaire pour faire évoluer les flux de travail afin de répondre à des besoins en constante évolution.

Résumé

Le logiciel Partek Flow est une plateforme bioinformatique facile à utiliser qui permet une analyse simplifiée du séquençage de nouvelle génération et des données multiomiques à grande échelle dans une interface utilisateur graphique. Le logiciel prend en charge plusieurs applications, notamment le séquençage de l'ADN, le RNA-Seq en lots, le ChIP-Seq/l'ATAC-Seq, l'analyse unicellulaire, la transcriptomique spatiale, l'analyse des voies, l'analyse des puces à ADN et la métagénomique. Des algorithmes statistiques fiables, des visualisations riches en renseignements, une interface interactive et des outils génomiques de pointe permettent aux chercheurs d'analyser leurs données en toute confiance, sans avoir besoin d'une expertise avancée en bioinformatique. Le logiciel Partek Flow offre des options et des outils d'installation flexibles pour s'adapter aux besoins des utilisateurs individuels, des laboratoires centraux et des grandes entreprises.

En savoir plus

[Logiciel Partek Flow](#)

[Méthodes multiomiques](#)

Renseignements relatifs à la commande

Pour les demandes admissibles, Illumina propose une version d'essai gratuite de 14 jours du logiciel Partek Flow et permet aux utilisateurs de travailler avec des données accessibles au public ou de téléverser leurs propres données. Des éditions de laboratoire ou d'entreprise sont disponibles. [Communiquez avec un représentant commercial d'Illumina](#) pour obtenir de plus amples renseignements.



Numéro sans frais aux États-Unis : + (1) 800 809-4566 | Téléphone : + (1) 858 202-4566
techsupport@illumina.com | www.illumina.com

© 2024 Illumina, Inc. Tous droits réservés. Toutes les marques de commerce sont la propriété d'Illumina, Inc. ou de leurs détenteurs respectifs.
Pour obtenir des renseignements sur les marques de commerce, consultez la page www.illumina.com/company/legal.html.
M-GL-03002 FRA v1.0