

Software Partek™ Flow™

Piattaforma intuitiva
di bioinformatica per
l'analisi dei dati multiomici

- Semplice analisi dei set di dati multiomici con un'interfaccia utente intuitiva
- Risultati affidabili con algoritmi efficaci per l'analisi dei dati
- Interpretazione biologica semplificata grazie a schermate interattive e personalizzabili

illumina®

Accelerazione delle informazioni ricavate dai dati multiomici

Gli scienziati adottano sempre più spesso approcci multiomici per condurre ricerche biologiche su più livelli e collegare con maggiore efficacia il genotipo al fenotipo. Combinando i dati genomici con i dati ottenuti attraverso altre modalità di misurazione dell'espressione genica, della regolazione genica e dei livelli proteici, la multiomica offre una visione più olistica della funzione cellulare e consente di disporre di informazioni biologiche più approfondite. Tuttavia, l'analisi dei grandi volumi di dati generati dagli studi multiomici richiede di solito competenze bioinformatiche avanzate. Inoltre, l'integrazione dei risultati e la visualizzazione dei dati provenienti da più saggi possono comportare difficoltà non indifferenti per i laboratori.

Per far fronte a tali complessità, Illumina offre il software Partek Flow, un'intuitiva piattaforma di bioinformatica per l'analisi e la visualizzazione delle singole cellule, dell'espressione genica, del sequenziamento per immunoprecipitazione della cromatina (ChIP-Seq), della trascrittomica spaziale e di altri dati utilizzati per la ricerca multiomica. Questo intuitivo software di analisi genomica consente ai ricercatori, indipendentemente dal loro livello di competenza tecnica, di ottimizzare le informazioni ricavate dai dati grazie a un'interfaccia di facile utilizzo, algoritmi statistici affidabili, schermate dettagliate e strumenti genomici all'avanguardia per l'analisi dei dati.

Soluzione integrata

Illumina offre una suite completa di strumenti genomici per consentire analisi multiomiche con flussi di lavoro creati per essere al passo con le tendenze emergenti e i progressi nella ricerca multiomica. Il software Partek Flow è compatibile con i dati generati mediante i flussi di lavoro NGS di Illumina (Figura 1) e consente di ottenere informazioni multiomiche ad alta risoluzione. Per la massima flessibilità, il software è compatibile con i file di input dell'analisi secondaria DRAGEN™ o di qualsiasi piattaforma di terze parti.

Interfaccia intuitiva

Il software Partek Flow dispone di un'intuitiva interfaccia utente grafica, ideale per le persone con esperienza bioinformatica limitata (Figura 2). Le operazioni semplici, basate sull'uso del mouse, e i menu contestuali permettono di interagire con le opzioni pertinenti che snelliscono la procedura di creazione delle pipeline. Le finestre di dialogo di facile comprensione illustrano le fasi dell'analisi e della visualizzazione man mano che si presentano, affinché gli utenti possano analizzare i dati in modo semplice e sicuro. Inoltre, per i laboratori principali e gli utenti con esperienza in bioinformatica, il software Partek Flow offre l'accesso a strumenti avanzati, pipeline personalizzabili e controlli utente.



Figura 1: il software Partek Flow si integra con i flussi di lavoro NGS di Illumina. Il software Partek Flow è compatibile con i file dei dati generati con l'analisi secondaria DRAGEN e con altre piattaforme disponibili in commercio per l'analisi, la visualizzazione e l'interpretazione biologica dei dati multiomici.

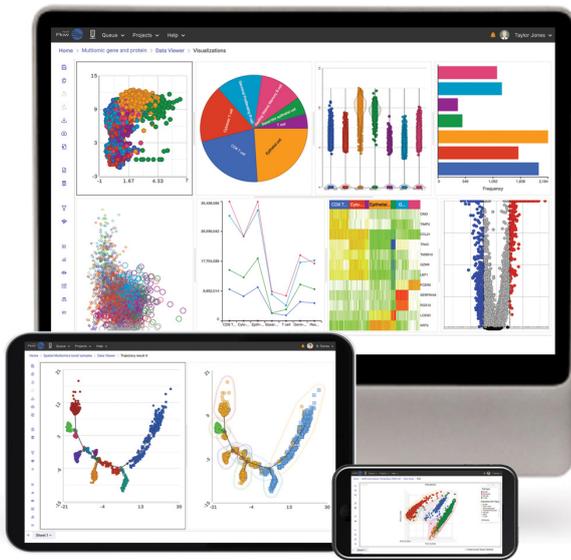


Figura 2: interfaccia utente del software Partek Flow. L'interfaccia grafica consente agli utenti di eseguire le analisi con il solo uso del mouse. Il software Partek Flow può essere installato su server, cluster e cloud ed è accessibile da qualsiasi browser e dispositivo.

Con il software Partek Flow, i ricercatori possono fare affidamento su un'unica piattaforma per generare schermate pronte per la pubblicazione, condividere con i collaboratori pipeline di analisi personalizzate, aggregare dati multiomici e fenotipici, aumentare le coorti includendo set di dati pubblici selezionati per studi di alta potenza statistica ed eseguire analisi statistiche.

Potenti strumenti di analisi multiomica

L'integrazione in set di dati multiomici dei risultati ottenuti con modalità complementari, tra cui genomica, trascrittomica, epigenomica e proteomica, delinea un quadro più completo della funzione cellulare e aiuta a estrarre più informazioni di alta qualità da ogni campione. Il software Partek Flow supporta completamente le applicazioni multiomiche ed è compatibile con un'ampia gamma di input (Tabella 1). Il software include strumenti di analisi basati su algoritmi statistici standard del settore disponibili pubblicamente, di conseguenza i ricercatori possono contare sull'affidabilità dei risultati (Tabella 2).

In ogni fase del processo, dai dati non elaborati alle identificazioni di varianti, il software Partek Flow fornisce report QA/QC completi per il controllo della qualità dei dati, nonché strumenti preposti all'eliminazione dei dati di bassa qualità.

Il software consente la profilazione simultanea ad alta risoluzione di genoma, trascrittoma, epigenoma e proteoma. Gli utenti possono esplorare i dati multiomici attraverso le modalità seguenti:

- Valutazione delle relazioni esistenti tra diversi livelli di omica (Figura 3)
- Separazione e combinazione di diverse modalità per individuare le relazioni nascoste (Figura 4)
- Conservazione delle informazioni rilevanti per ogni livello di omica, quindi unione delle matrici per esplorare sia i dati individuali sia quelli combinati (Figura 5)

Gli strumenti di analisi e visualizzazione inclusi nel software Partek Flow supportano varie applicazioni, tra cui sequenziamento del DNA, RNA-Seq, ChIP-Seq/ ATAC-Seq e altro ancora (Tabella 3). Se necessario, è possibile acquistare componenti aggiuntivi per l'analisi a singola cellula e spaziale e l'analisi dei percorsi.

Tabella 1: formati supportati per i file di input

Applicazione	Formato del file di input ^a
Sequenziamento del DNA	BAM, BCF, BCL, CBCL, FASTA, FASTA.GZ, FASTQ, FASTQ.GZ, SAM, SRA, VCF, VCF.GZ
RNA-Seq	BAM, BCL, CBCL, matrice di conteggio (CSV, TSV, TXT), FASTA, FASTA.GZ, FASTQ, FASTQ.GZ, SAM, SRA
Analisi delle singole cellule	Matrice di conteggio (CSV, TSV, TXT), H5, H5AD, matrice sparsa (MTX), oggetti Seurat (RDS, QS), BED
Analisi spaziale	10x Space Ranger, NanoString CosMx
ChIP-Seq/ATAC-Seq	BAM, CBCL, matrice di conteggio (CSV, TSV, TXT), FASTA, FASTA.GZ, FASTQ, FASTQ.GZ, SAM, SRA
Metagenomica	CBCL, FASTA, FASTA.GZ, FASTQ, FASTQ.GZ, SRA
Analisi con microarray	CEL, matrice di intensità (CSV, TSV, TXT)
Proteomica	Olink (TXT), SomaLogic (ADAT), Akoya (CSV, TXT)

a. L'elenco non è esaustivo.

Tabella 2: analisi statistiche incluse nel software Partek Flow

Applicazione	Analisi statistica
Normalizzazione e scalabilità	RPKM, TMM, scTransform, deconvoluzione Scran, normalizzazione TF-IDF, ecc.
Riduzione della dimensionalità	PCA, t-SNE, UMAP, SVD
Rimozione effetto batch	Modello lineare generale, Harmony, integrazione Seurat3
Generazione di cluster	Analisi K-means, basata su grafico e con generazione gerarchica di cluster
Analisi differenziale	DESeq2, GSA, modello Hurdle, LIMMA-trend, LIMMA-voom, regressione binomiale negativa, regressione di Poisson, ANOVA unidirezionale, ANOVA non parametrica (test di Kruskal-Wallis e Dunn), ANOVA di Welch, ANOVA multifattoriale e ANOVA dello splicing alternativo
Altre	Analisi della sopravvivenza (regressione di Kaplan-Meier e Cox), analisi della correlazione, calcolo dei biomarcatori, statistiche descrittive

ANOVA (Analysis of Variance), analisi della varianza; GSA (Gene-Specific Analysis), analisi gene-specifica; LIMMA (Linear Models for Microarray Data), modelli lineari per i dati da microarray; PCA (Principal Component Analysis), analisi dei componenti principali; RPKM (Reads Per Kilobase Per Million Mapped Reads), letture per kilobase per milione di letture mappate; SVD (Singular Value Decomposition), decomposizione ai valori singolari; TF-IDF (Term Frequency-Inverse Document Frequency), frequenza del termine-frequenza inversa nei documenti; TMM (Trimmed Mean of M-Values), media trimmed dei valori M; t-SNE (t-distributed Stochastic Neighbor Embedding); UMAP (Uniform Manifold Approximation and Projection), approssimazione e proiezione uniformi del collettore.

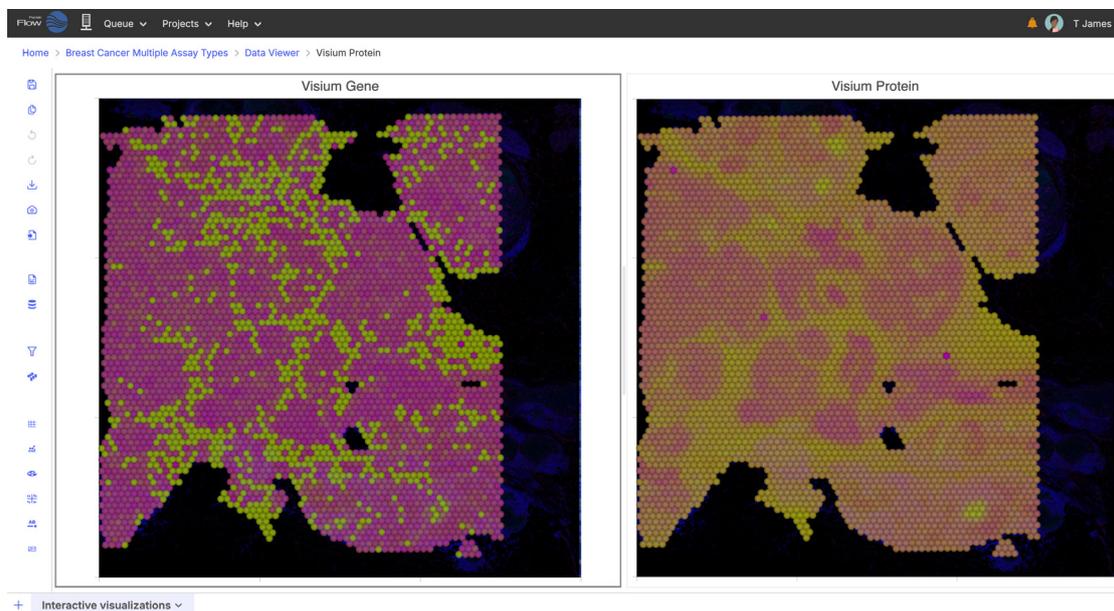


Figura 3: combinazione dei dati di espressione delle caratteristiche con l'istologia per la trascrittomica spaziale. L'output del campione generato dal visualizzatore di dati di Partek Flow mostra i dati di trascrittomica spaziale colorati in base all'espressione di *BCL2* per l'espressione genica (sinistra) e proteica (destra).

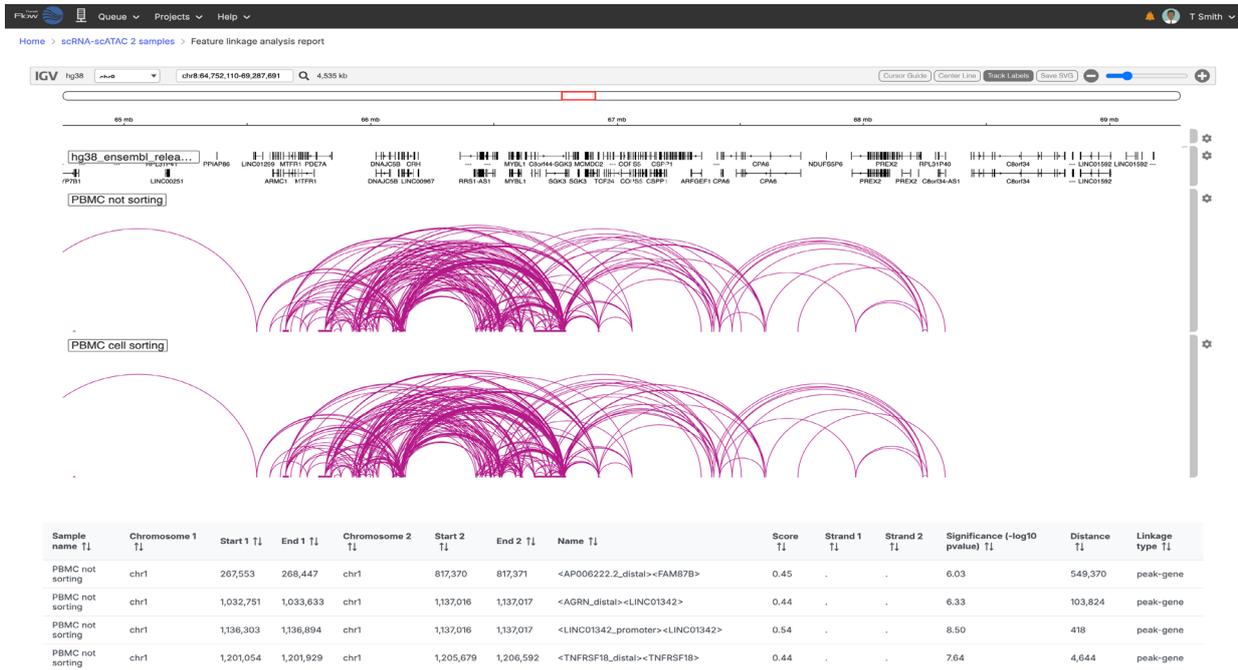


Figura 4: esplorazione simultanea di livelli multiomici di dati. L'output del campione generato dal software ParTek Flow mostra i risultati relativi al collegamento delle caratteristiche per i set di dati di RNA-Seq e ATAC-Seq a singola cellula ai fini dello studio simultaneo dell'espressione genica e dei potenziali regolatori.



Figura 5: visione olistica della funzione cellulare con i dati di RNA-Seq e CITE-Seq integrati. L'output del campione generato mediante l'approssimazione e la proiezione uniformi del collettore (UMAP, Uniform Manifold Approximation and Projection) per la riduzione delle dimensioni viene utilizzato per mappare contemporaneamente i dati trascrittomici e proteomici, generando una doppia visualizzazione degli stati cellulari. CITE-Seq (Cellular Indexing of Transcriptomes and Epitopes by Sequencing), indicizzazione cellulare di trascrittomi ed epitopi tramite sequenziamento.

Tabella 3: applicazioni disponibili nel software Partek Flow

Applicazione	Descrizione
Sequenziamento del DNA	Identificazione delle varianti somatiche e della linea germinale, rilevamento di SNP, indel e CNV, annotazione e classificazione di varianti, rilevamento di varianti note e nuove e previsione dell'impatto delle varianti sulla funzione biologica
RNA-Seq	Identificazione dei geni con espressione differenziale e dello splicing alternativo e visualizzazione dei risultati dell'espressione delle isoforme con il browser genomico integrato
ChIP-Seq/ATAC-Seq	Esplorazione della regolazione genica e dell'accessibilità della cromatina, integrazione dei risultati di ChIP-Seq o ATAC-Seq con i dati di RNA-Seq e visualizzazione delle regioni di picco rilevate e delle letture in linea con la panoramica dei cromosomi
Metagenomica	Accesso alla classificazione metagenomica ultraveloce con Kraken2 e potenti strumenti statistici per l'identificazione tassonomica accurata delle letture di sequenziamento per scoprire cambiamenti significativi nella diversità microbica
Microarray	Importazione dei dati da microarray, allineamento al genoma di riferimento o quantificazione rispetto al trascrittoma, analisi dei risultati con potenti algoritmi statistici multivariati, confronto dei risultati con i set di dati NGS e visualizzazione dei risultati
Analisi a singola cellula e spaziale ^a	Classificazione automatica delle singole cellule, sovrapposizione dei dati dell'espressione genica per visualizzare le relazioni spaziali, analisi dei dati per identificare i pattern nell'espressione genica o proteica, confronto delle popolazioni di tipologie cellulari tra i campioni, analisi e visualizzazione di più campioni insieme o in modo indipendente ed esplorazione dei cluster nel loro contesto spaziale
Partek Pathway ^a	Calcolo dell'arricchimento dei percorsi, rilevamento dei percorsi interrotti o influenti, ricerca di percorsi e geni specifici e codifica cromatica dei geni in base ai valori p e alle variazioni per visualizzare le relazioni geniche

a. Può essere acquistato separatamente come componente aggiuntivo del software Partek Flow.

Flussi di lavoro flessibili e scalabili

Il software Partek Flow offre gli strumenti avanzati, i controlli di gestione utenti e le caratteristiche di flessibilità e adattabilità di cui i laboratori principali e le aziende hanno bisogno per migliorare l'efficienza operativa. I laboratori possono creare pipeline di analisi personalizzate per standardizzare e automatizzare le attività più frequenti, quindi condividere facilmente flussi di lavoro e informazioni con i collaboratori senza trasferire i dati. Il software Partek Flow può essere installato in posizione centralizzata, consentendo ai laboratori di gestire l'accesso degli utenti, rivedere gli audit trail, riassegnare le priorità alle attività quando necessario e impostare il controllo automatizzato tramite API REST in un ambiente sicuro. Inoltre, offre gli strumenti aziendali necessari per l'archiviazione, la gestione e l'analisi collaborativa di grandi set di dati genomici. Implementabile su cloud, cluster o server, il software Partek Flow mette a disposizione risorse di calcolo flessibili e offre la possibilità di adattare i flussi di lavoro per soddisfare le esigenze in continua evoluzione.

Riepilogo

Il software Partek Flow è una piattaforma di bioinformatica di facile utilizzo che consente l'analisi semplificata del sequenziamento di nuova generazione e dei dati multiomici su larga scala con un'interfaccia utente visiva. Il software supporta più applicazioni, tra cui sequenziamento del DNA, RNA-Seq in massa, ChIP-Seq/ATAC-Seq, analisi a singola cellula, trascrittoma spaziale, analisi dei percorsi, analisi di microarray e metagenomica. Gli affidabili algoritmi statistici, le schermate dettagliate, l'interfaccia interattiva e gli strumenti genomici all'avanguardia consentono ai ricercatori di analizzare i dati con sicurezza, anche senza competenze bioinformatiche avanzate. Il software Partek Flow offre opzioni e strumenti di installazione flessibili per soddisfare le esigenze di singoli utenti, laboratori principali e grandi aziende.

Maggiori informazioni

[Software Partek Flow](#)

[Metodi multiomici](#)

Informazioni per gli ordini

Affinché i clienti possano presentare richieste informate, Illumina propone un periodo di prova gratuito di 14 giorni, durante il quale il software Partek Flow potrà essere impiegato per lavorare con dati di dominio pubblico o caricando i propri dati. Sono disponibili edizioni Lab o Enterprise. Per maggiori informazioni, [rivolgersi a un rappresentante Illumina](#).



Numero verde 1.800.809.4566 (U.S.A.) | Tel. +1.858.202.4566
techsupport@illumina.com | www.illumina.com

© 2024 Illumina, Inc. Tutti i diritti riservati. Tutti i marchi di fabbrica sono di proprietà di Illumina, Inc. o dei rispettivi proprietari. Per informazioni specifiche sui marchi di fabbrica, visitare la pagina web www.illumina.com/company/legal.html.
M-GL-03002 ITA v1.0