

Partek™ Flow™ 软件

用于分析多组学数据的用户友好型生物信息学平台

- 借助直观的用户界面轻松分析多组学数据集
- 利用可靠的数据分析算法获得值得信赖的结果
- 利用交互式、可定制、可视化工具简化生物学解读



加速从多组学数据中获取见解

越来越多的科学家们正采用多组学方法来支持在多个生物学层面的探索，并更好地将基因型与表型相关联。通过将基因组数据与测量基因表达、基因调控和蛋白质水平的其他模式数据相结合，多组学提供了更全面的细胞功能视图，并可获得更深入的生物学见解。然而，分析多组学研究产生的大规模数据通常需要高级生物信息学专业知识。此外，整合来自多种检测的结果并对数据进行可视化处理，对实验室来说是一个大难题。

为应对这些挑战，因美纳推出了Partek Flow软件——一个用户友好的生物信息学平台，可用于分析和可视化单细胞、基因表达、染色质免疫沉淀测序（ChIP-Seq）、空间转录组学及其他多组学研究数据。这款直观的基因组分析软件使各种技能水平的研究人员都能够利用直观的界面、强大的统计算法、信息丰富的可视化功能，以及前沿的基因组数据分析工具，尽可能地从数据中获取见解。

集成式解决方案

因美纳提供了一套全面的基因组学工具，通过专为支持多组学研究新兴趋势和进展而构建的工作流程，实现多组学分析。Partek Flow软件兼容Illumina NGS工作流程生成的数据（图 1），并提供高分辨率的多组学见解。该软件支持来自DRAGEN™二级分析或任何第三方平台的输入文件，灵活性极高。

用户友好的界面

Partek Flow软件具有直观的图形用户界面，非常适合生物信息学经验有限的用户（图2）。点击操作简单易懂且上下文相关的菜单会提供相关选项，可简化构建分析流程的过程。对话框简单明了，在分析和可视化过程中会对各个步骤进行解释，让用户能够自信且轻松地进行数据分析。此外，对于核心实验室以及具备生物信息学专业知识的用户，Partek Flow软件提供对高级工具、可定制流程和用户控件的访问权限。



图1: Partek Flow软件与Illumina NGS工作流程集成——Partek Flow软件兼容DRAGEN二级分析生成的数据文件及其他商业平台数据，用于多组学数据分析、可视化和生物学解读。



图2: Partek Flow软件用户界面——图形界面允许用户通过简单的点击操作完成分析。Partek Flow软件可安装在服务器、集群和云端,并可从您首选设备上的任何浏览器访问。

借助Partek Flow软件,研究人员可以在单一平台上完成以下工作:生成可直接用于发表的图表、与合作伙伴共享定制分析流程、整合多组学和表型数据、通过精选公共数据集扩充队列以提高研究效力,以及进行统计分析。

强大的多组学分析工具

将来自基因组学、转录组学、表观基因组学和蛋白质组学等互补模式的研究结果整合到多组学数据集中,研究人员能够更全面地了解细胞功能,并从每个样本中获取更高质量的信息。Partek Flow软件为多组学研究提供全面支持,兼容多种数据输入类型 (表1)。该软件采用公开的行业标准统计算法构建分析工具,研究结果值得信赖 (表2)。

从原始数据到变异检测的每个分析环节,Partek Flow软件都可提供完整的QA/QC报告,用于检查数据质量,并配备数据过滤工具以剔除低质量数据。

该软件能够同时对基因组、转录组、表观基因组和蛋白质组进行高分辨率分析。用户可以通过以下方式探索多组学数据:

- 评估不同组学层面之间的关系 (图3)
- 分离和组合各种模式用以揭示隐藏的关系 (图4)
- 保留每个组学层面的相关信息,然后合并矩阵以探索单个数据和组合数据 (图5)

Partek Flow软件包含的分析和可视化工具支持多种应用,包括DNA测序、RNA-Seq、ChIP-Seq/ATAC-Seq等 (表3)。单细胞与空间组学分析以及通路分析的附加组件可按需购买。

表1: 支持的输入文件格式

应用程序	输入文件格式 ^a
DNA测序	BAM、BCF、BCL、CBCL、FASTA、FASTA.GZ、FASTQ、FASTQ.GZ、SAM、SRA、VCF、VCF.GZ
RNA-Seq	BAM、BCL、CBCL、计数矩阵 (CSV、TSV、TXT)、FASTA、FASTA.GZ、FASTQ、FASTQ.GZ、SAM、SRA。
单细胞分析	计数矩阵 (CSV、TSV、TXT)、H5、H5AD、稀疏矩阵 (MTX)、Seurat对象 (RDS、QS)、BED
空间组学分析	10x Space Ranger、NanoString CosMx
ChIP-Seq/ATAC-Seq	BAM、CBCL、计数矩阵 (CSV、TSV、TXT)、FASTA、FASTA.GZ、FASTQ、FASTQ.GZ、SAM、SRA
宏基因组学	CBCL、FASTA、FASTA.GZ、FASTQ、FASTQ.GZ、SRA
芯片分析	CEL, 信号强度矩阵 (CSV、TSV、TXT)
蛋白质组学	Olink (TXT)、SomaLogic (ADAT)、Akoya (CSV、TXT)

^a.此列表并未罗列出全部信息。

表2：Partek Flow软件中包含的统计分析内容

应用程序	统计分析
归一化和缩放	RPKM、TMM、scTransform、Scran反卷积、TF-IDF归一化等
降维	PCA、t-SNE、UMAP、SVD
批次效应去除	通用线性模型、Harmony、Seurat3集成
簇生成	K均值、基于图形的和分层聚类分析
差异分析	DESeq2、GSA、Hurdle模型、LIMMA-trend、LIMMA-voom、负二项回归、泊松回归、单因素ANOVA、非参数ANOVA (Kruskal-Wallis和Dunn检验)、Welch ANOVA、多因素ANOVA以及可变剪切ANOVA
其他	生存分析 (Kaplan-Meier和Cox回归)、相关性分析、生物标志物计算、描述性统计

alt-splicing, 可变剪接; ANOVA, 方差分析; GSA, 基因特异性分析; LIMMA, 芯片数据的线性模型; PCA, 主成分分析; RPKM, 每百万条映射片段中每千个碱基的转录本所包含的read; SVD, 单值分解; TF-IDF, 术语频率-逆文档频率; TMM, M值的修整平均值; t-SNE, t分布随机邻域嵌入; UMAP, 统一流形逼近与投影算法。

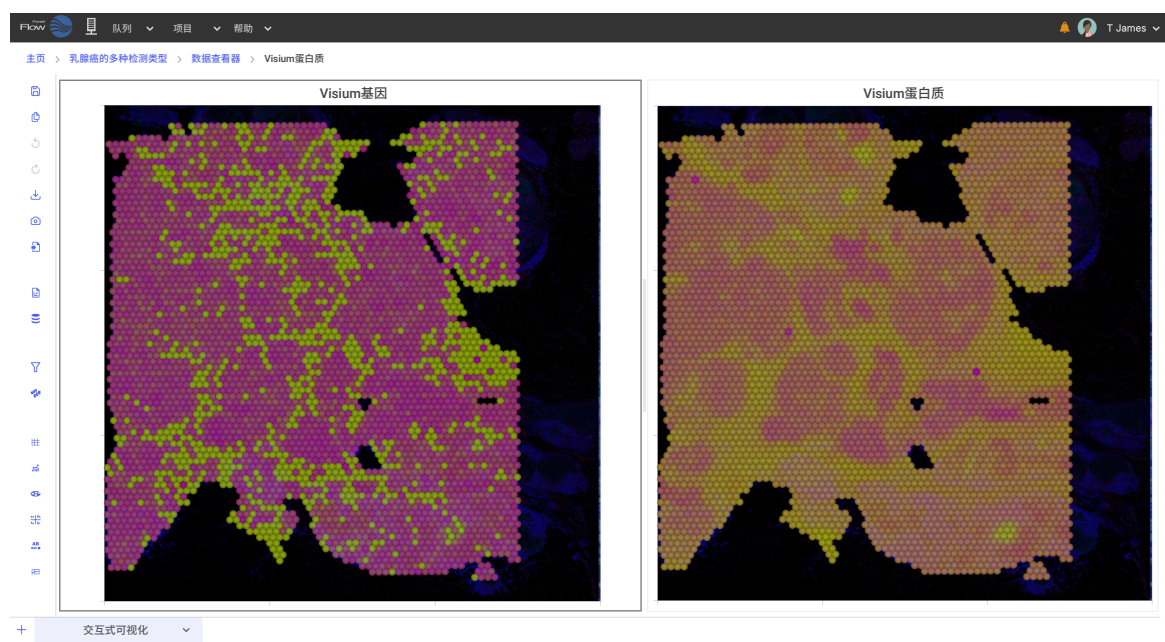


图3：将特征表达数据与组织学数据相结合，从而用于空间转录组学研究——Partek Flow数据查看器的样本输出结果显示了基于*BCL2*表达进行染色的空间转录组学数据，分别展示了（左侧）基因和（右侧）蛋白质的表达情况。

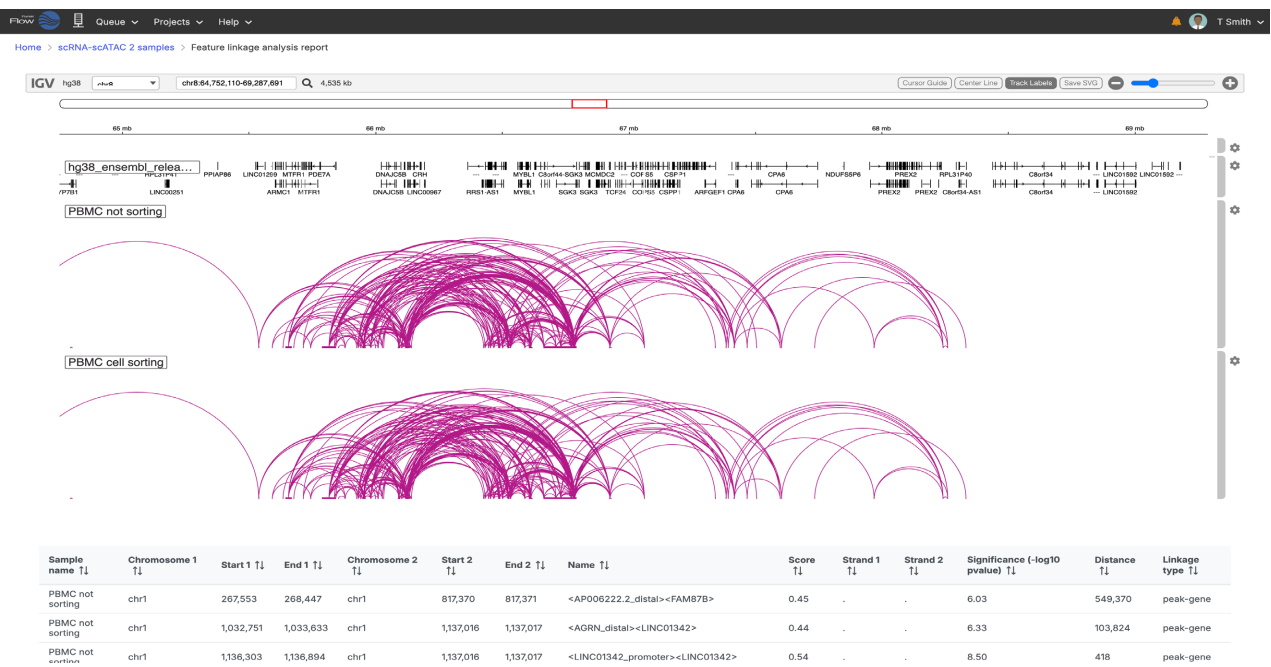


图4：同时探索多组学层面的数据——Partek Flow软件的样本输出结果展示了单细胞RNA测序和染色质可及性测序数据集的特征关联结果，以便共同研究基因表达和潜在的调控因子。

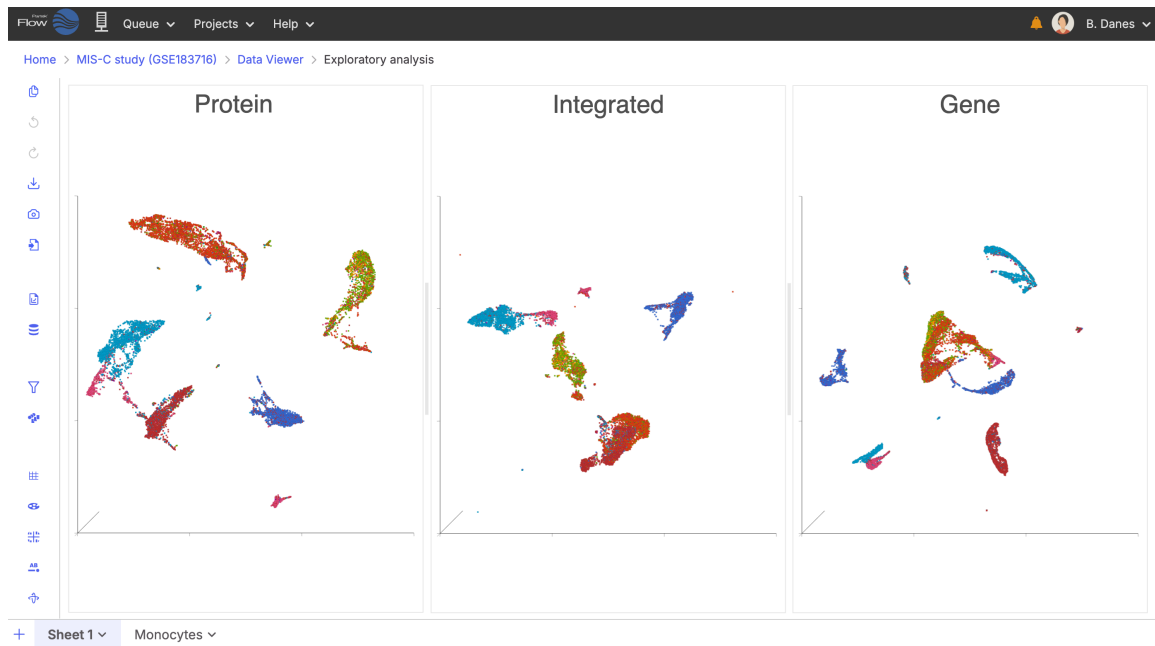


图5：通过整合RNA-Seq和CITE-Seq数据获取细胞功能全景视图——使用统一流形逼近与投影算法（UMAP）降维生成的示例输出可同时分析转录组和蛋白质组数据，提供细胞状态的双重视图。CITE-Seq，转录组和表位的细胞标签测序。

表3：Partek Flow软件可提供的应用支持

应用程序	说明
DNA测序	检出生殖系和体细胞变异，检测SNP、插入缺失和CNV，注释和分类变异，检测已知和新变异，并预测变异对生物功能的影响
RNA-Seq	识别差异表达基因和可变剪接情况，并利用集成的基因组浏览器可视化异构体的表达结果
ChIP-Seq/ATAC-Seq	研究基因调控和染色质可及性，整合ChIP-Seq或ATAC-Seq与RNA-Seq数据结果，通过染色体视图展示比对read和检测到的峰区域
宏基因组学	采用Kraken2实现超快速宏基因组分类，配合强大统计工具准确鉴定测序read的物种分类，揭示微生物多样性的有意义变化
芯片	导入芯片数据与参考基因组进行比对或针对转录组进行定量，使用强大的多变量统计算法分析结果，将结果与NGS数据集进行比较，并可视化研究结果
单细胞与空间组学分析 ^a	自动对单细胞进行分类，叠加基因表达数据以可视化空间关系，分析数据以识别基因或蛋白质表达模式，比较样本之间的细胞类型群体，一起或独立地分析和可视化多个样本，并在其空间背景下探索簇
Partek通路 ^a	计算通路富集，识别异常或关键通路，搜索特定通路和基因，根据p值和倍数变化对基因进行颜色编码以可视化基因之间的关系

a. 可作为Partek Flow软件的附加组件单独购买。

灵活、可扩展的工作流程

Partek Flow软件提供核心实验室和企业组织所需的高级工具、用户管理控制和灵活扩展能力，以提高运营效率。实验室可以创建自定义分析流程来标准化和自动化最常用的任务，然后轻松地与协作者共享工作流程和数据，而无需传输数据。Partek Flow软件可以安装在集中位置，允许实验室管理用户访问、审查审计跟踪、在需要时重新确定任务优先级，并在安全环境中通过REST API设置自动控制。此外，Partek Flow软件还提供用于存储、管理和协作分析大型基因组数据集的企业工具。无论是使用云端、集群还是服务器部署，Partek Flow软件都能提供弹性计算资源和灵活扩展工作流程的能力，以满足不断变化的需求。

总结

Partek Flow软件是一款易于使用的生物信息学平台，可通过可视化用户界面简化新一代测序和大规模多组学数据的分析。该软件支持多种应用，包括DNA测序、细胞群RNA-Seq、ChIP-Seq/ATAC-Seq、单细胞分析、空间转录组学、通路分析、芯片分析和宏基因组学。强大的统计算法、信息丰富的可视化、交互式界面和前沿基因组工具使研究人员能够自信地分析数据，无需先进的生物信息学专业知识。Partek Flow软件提供灵活的安装选项和工具，可满足个人用户、核心实验室和大型企业组织的需求。

了解更多

[Partek Flow软件](#)

[多组学方法](#)

订购信息

对于符合条件的咨询，因美纳提供为期14天的Partek Flow软件免费试用，用户可使用公开数据或上传自有数据进行体验。

我们提供实验室版和企业版两种版本选择。如需了解更多信息，[请联系因美纳销售代表](#)。

illumina中国

上海办公室 • 电话 (021) 6032-1066 • 传真 (021) 6090-6279

北京办公室 • 电话 (010) 8441-6900 • 传真 (010) 8455-4855

技术支持热线 400-066-5835 • chinasupport@illumina.com

市场销售热线 400-066-5875 • china_info@illumina.com • www.illumina.com.cn

© 2025 Illumina, Inc. 保留所有权利。所有商标均为因美纳公司或其各自所有者的财产。

关于具体的商标信息，请访问www.illumina.com.cn/company/legal.html。

M-GL-03002 v1.0



illumina®