

Partek™ Flow™ – Software

Benutzerfreundliche
Bioinformatikplattform
zur Analyse von
Multiomik-Daten

- Einfache Analyse von Multiomik-Datensätzen über eine intuitive Benutzeroberfläche
- Zuverlässige Ergebnisse mit robusten Datenanalysealgorithmen
- Einfachere Interpretation biologischer Daten mit interaktiven und anpassbaren Visualisierungen



Schnellere Auswertung von Multiomik-Daten

In der Forschung kommen zunehmend Multiomik-Verfahren zum Einsatz, die Erkenntnisse zu mehreren Bereichen der Biologie liefern sowie Genotyp und Phänotyp besser in Beziehung zueinander setzen. Multiomik liefert anhand der Kombination von Genomik-Daten mit Daten anderer Verfahren (z. B. zu Genexpression, Genregulation und Proteinspiegel) einen umfassenderen Überblick über die Zellfunktion und ermöglicht weitreichendere biologische Erkenntnisse. Die Analyse der hohen, bei Multiomik-Studien generierten Datenmengen erfordert in der Regel jedoch fortgeschrittene Bioinformatikkenntnisse. Darüber hinaus stellt die Zusammenführung der Ergebnisse und die Visualisierung von Daten aus mehreren Assays Labore vor erhebliche Kapazitätsprobleme.

Speziell im Hinblick auf die Bewältigung dieser Herausforderungen bietet Illumina Partek Flow, eine benutzerfreundliche Bioinformatikplattform für die Analyse und Visualisierung von Einzelzellen, Genexpression, ChIP-Seq (Chromatin-Immunpräzipitation gefolgt von Sequenzierung), räumlicher Transkriptomik und anderen Daten aus der Multiomik-Forschung. Diese intuitive Genomik-Analysesoftware ermöglicht Forschern unabhängig von ihren Vorkenntnissen die optimale Auswertung von Daten – mithilfe der unkomplizierten Benutzeroberfläche, zuverlässigen Statistikalgorithmen, aussagekräftigen Visualisierungen und innovativen Genomik-Tools für die Datenanalyse.

Integrierte Lösung

Illumina ermöglicht mit seiner umfassendem Palette an Genomik-Tools Multiomik-Analysen mit auf aktuelle Trends und Fortschritte in der Multiomik-Forschung abgestimmten Workflows. Partek Flow ist mit im Rahmen von Illumina-NGS-Workflows (Next-Generation Sequencing, Sequenzierung der nächsten Generation) generierten Daten kompatibel (**Abbildung 1**) und ermöglicht hochauflösende Multiomik-Ergebnisse. Die Software eignet sich für Eingabedateien, die mit der DRAGEN™-Sekundäranalyse oder Drittanbieter-Plattformen erstellt wurden, und bietet damit maximale Flexibilität.

Benutzerfreundliche Oberfläche

Die intuitive grafische Benutzeroberfläche von Partek Flow eignet sich ideal für Anwender mit begrenzter Erfahrung im Bereich der Bioinformatik (**Abbildung 2**). Einfache Point-and-Click-Aktionen und Kontextmenüs mit relevanten Optionen vereinfachen das Erstellen von Pipelines. Leicht verständliche Dialogfelder erläutern die jeweils aktuellen Analyse- und Visualisierungsschritte, sodass Anwender Daten problemlos analysieren können. Darüber hinaus bietet Partek Flow Zentrallaboren und Anwendern mit Bioinformatikkenntnissen fortschrittliche Tools, anpassbare Pipelines und Benutzersteuerung.

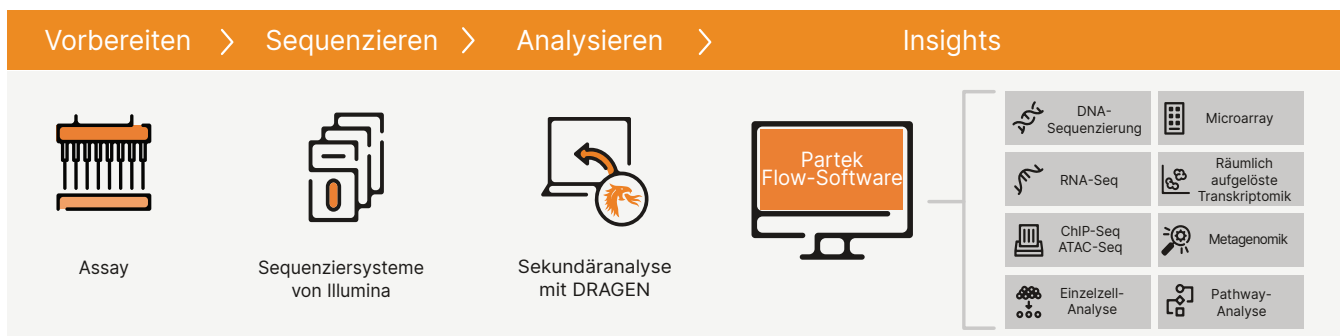


Abbildung 1: Partek Flow lässt sich in Illumina-NGS-Workflows integrieren: Partek Flow eignet sich für Dateien, die mit der DRAGEN-Sekundäranalyse und anderen handelsüblichen Plattformen für die Analyse von Multiomik-Daten, Visualisierung und biologische Interpretation erstellt wurden.



Abbildung 2: Benutzeroberfläche der Partek Flow-Software: Die grafische Oberfläche ermöglicht Anwendern die Durchführung von Analysen mit einfachen Point-and-Click-Aktionen. Partek Flow kann auf einem Server, einem Cluster oder in der Cloud installiert und über einen beliebigen Browser auf Ihrem bevorzugten Gerät aufgerufen werden.

Forscher können mithilfe von Partek Flow publikationsfertige Visualisierungen erstellen, anwendungsspezifische Analysepipelines für Kollegen freigeben, Multiomik- und Phänotyp-Daten aggregieren, Studien mit einer umfangreichen Basis unterfüttern, indem Kohorten um kuratierte öffentlich verfügbare Datenbestände erweitert werden, und statistische Analysen durchführen – all dies auf einer einzigen Plattform.

Leistungsstarke Multiomik-Analysertools

Die Zusammenführung von Ergebnissen aus komplementären Verfahren wie Genomik, Transkriptomik, Epigenomik und Proteomik in Multiomik-Datensätzen liefert ein umfassenderes Bild der Zellfunktion und trägt zum Gewinn hochwertiger Informationen aus sämtlichen Proben bei. Partek Flow eignet sich für eine breite Palette an Multiomik-Anwendungen und ist mit zahlreichen Eingabedatenformaten kompatibel (Tabelle 1). Die Analysertools der Software basieren auf öffentlich verfügbaren, branchenüblichen Statistikalgorithmen und liefern Forschern damit zuverlässige Ergebnisse (Tabelle 2).

Bei jedem Prozessschritt – von den Rohdaten bis zum Varianten-Calling – bietet Partek Flow umfassende Berichte zur Qualitätssicherung/Qualitätskontrolle für die Überprüfung der Datenqualität sowie Tools zum Entfernen von Daten geringer Qualität.

Die Software ermöglicht das gleichzeitige hochauflösende Profiling von Genom, Transkriptom, Epigenom und Proteom. Anwender können Multiomik-Daten wie folgt untersuchen:

- Beurteilung der Beziehungen zwischen verschiedenen Omik-Ebenen (Abbildung 3)
- Trennung und Kombination unterschiedlicher Verfahren zur Aufdeckung nicht offensichtlicher Beziehungen (Abbildung 4)
- Beibehaltung relevanter Informationen für jede Omik-Ebene und anschließende Zusammenführung von Matrizen zur Untersuchung sowohl von einzelnen als auch von kombinierten Daten (Abbildung 5)

Die in Partek Flow enthaltenen Analyse- und Visualisierungstools eignen sich für zahlreiche Anwendungen wie DNA-Sequenzierung, RNA-Seq, ChIP-Seq/ATAC-Seq usw. (Tabelle 3). Bei Bedarf sind Add-ons für die Einzelzell- und räumliche Analyse sowie die Signalweganalyse erhältlich.

Tabelle 1: Unterstützte Eingabedateiformate

Anwendung	Eingabedateiformat ^a
DNA-Sequenzierung	BAM, BCF, BCL, CBCL, FASTA, FASTA.GZ, FASTQ, FASTQ.GZ, SAM, SRA, VCF, VCF.GZ
RNA-Seq	BAM, BCL, CBCL, Zählmatrix (CSV, TSV, TXT), FASTA, FASTA.GZ, FASTQ, FASTQ.GZ, SAM, SRA.
Einzelzell-Analyse	Zählmatrix (CSV, TSV, TXT), H5, H5AD, dünn besetzte Matrix (MTX), Seurat-Objekte (RDS, QS), BED
Räumliche Analyse	10x Space Ranger, NanoString CosMx
ChIP-Seq/ ATAC-Seq	BAM, CBCL, Zählmatrix (CSV, TSV, TXT), FASTA, FASTA.GZ, FASTQ, FASTQ.GZ, SAM, SRA
Metagenomik	CBCL, FASTA, FASTA.GZ, FASTQ, FASTQ.GZ, SRA
Microarray-Analyse	CEL, Intensitätsmatrix (CSV, TSV, TXT)
Proteomik	Olink (TXT), SomaLogic (ADAT), Akoya (CSV, TXT)

a. Die Liste ist nicht erschöpfend.

Tabelle 2: In Partek Flow enthaltene statistische Analysen

Anwendung	Statistische Analyse
Normalisierung und Skalierung	RPKM, TMM, scTransform, Scran-Dekonvolution, TF-IDF-Normalisierung usw.
Dimensionsreduktion	PCA, t-SNE, UMAP, SVD
Batch-Effektkorrektur	Allgemeines lineares Modell, Harmony- und Seurat3-Integration
Clustering	K-Means, graphische und hierarchische Clustering-Analyse
Differenzialanalyse	DESeq2, GSA, Hurdle-Modell, LIMMA-trend, LIMMA-voom, negative Binomialregression, Poisson-Regression, einfaktorielle ANOVA, nichtparametrische ANOVA (Kruskal-Wallis- und Dunn-Tests), Welch-ANOVA, Multifaktor-ANOVA und Alt-Splicing-ANOVA
Sonstiges	Überlebensanalyse (Kaplan-Meier und Cox-Regression), Korrelationsanalyse, Biomarkerberechnung, deskriptive Statistik

Alt-Splicing, alternatives Spleißen; ANOVA, Analysis of Variance (Varianzanalyse); GSA, genspezifische Analyse; LIMMA, lineare Modelle für Microarray-Daten; PCA, Principal Component Analysis (Hauptkomponentenanalyse); RPKM, Reads pro Kilobase pro Million gemappter Reads; SVD, Singular Value Decomposition (Singulärwertzerlegung); TF-IDF, Term Frequency-Inverse Document Frequency (Vorkommenshäufigkeit, inverse Dokumenthäufigkeit); TMM, Trimmed Mean of M-Values (getrimmter Mittelwert der M-Werte); t-SNE, t-verteilte stochastische Nachbareinbettung; UMAP, Uniform Manifold Approximation and Projection (einheitliche Manifold-Approximation und -Projektion).

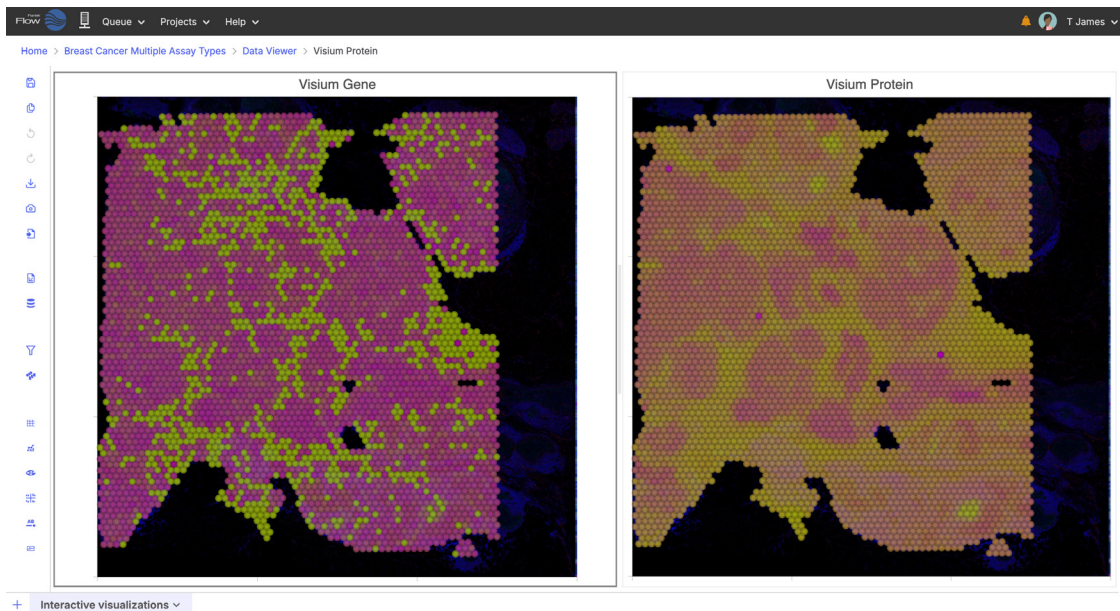


Abbildung 3: Räumliche Transkriptomik anhand der Kombination von Merkmalexpressionsdaten und Histologie: Die Probenausgabe aus dem Partek Flow-Data-Viewer zeigt räumliche Transkriptomik-Daten, die basierend auf der *BCL2*-Expression für die Gen- (links) und Proteinexpression (rechts) eingefärbt wurden.

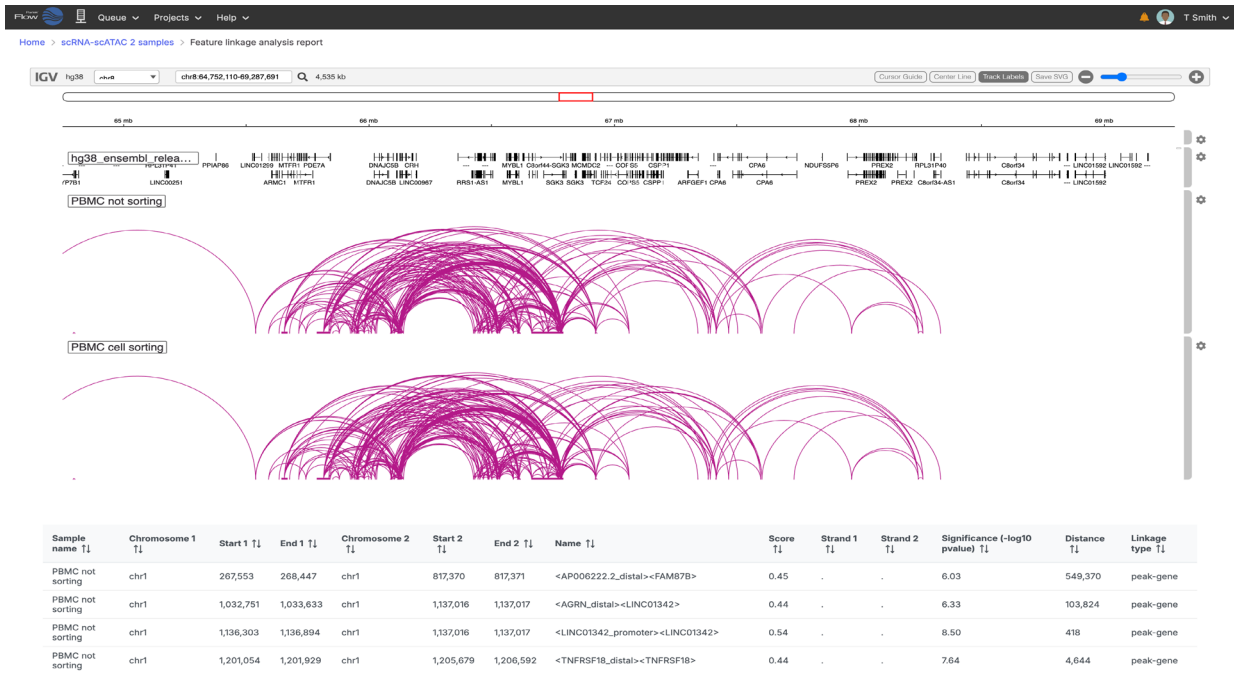


Abbildung 4: Untersuchung von mehreren Multiomik-Datenebenen gleichzeitig: Die Probenausgabe von ParTEK Flow zeigt die Ergebnisse der Merkmalsverknüpfung für Einzelzell-RNA-Seq- und ATAC-Seq-Datensätze, was die gemeinsame Untersuchung von Genexpression und potenziellen Regulatoren ermöglicht.

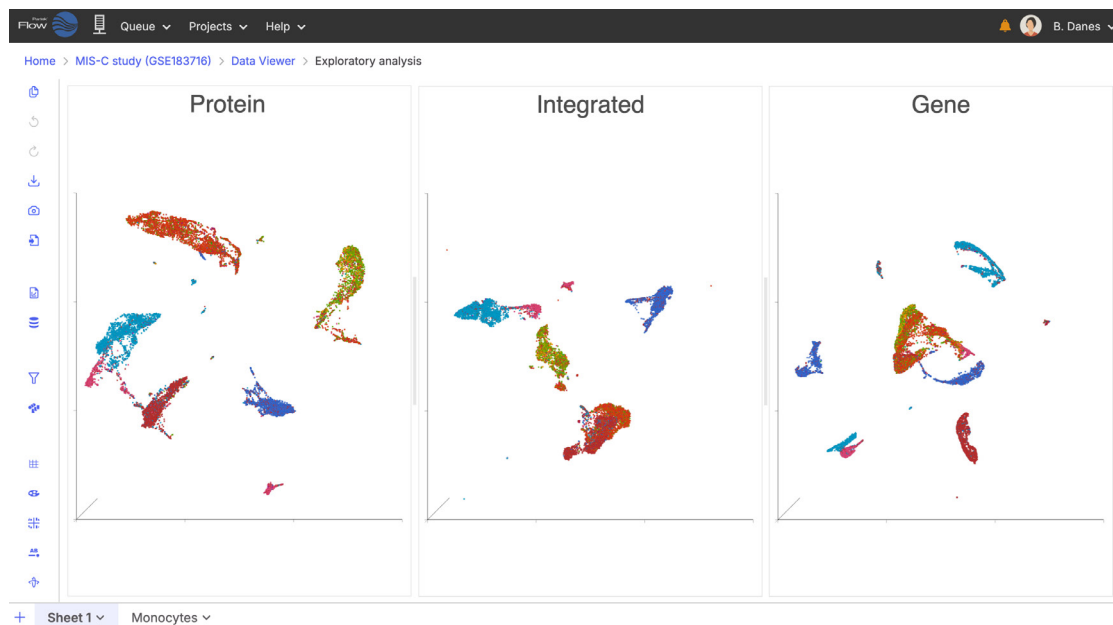


Abbildung 5: Umfassende Sicht der Zellfunktion anhand der Zusammenführung von RNA-Seq- und CITE-Seq-Daten: Die Probenausgabe, die mithilfe von UMAP (Uniform Manifold Approximation and Projection, einheitliche Manifold-Approximation und -Projektion) für die Dimensionsreduktion generiert wird, wird für das gleichzeitige Profiling von Transkriptomik- und Proteomik-Daten verwendet, was eine duale Ansicht der Zellzustände bietet. CITE-Seq, Cellular Indexing of Transcriptomes and Epitopes by Sequencing (Zellindizierung von Transkriptomen und Epitopen durch Sequenzierung).

Tabelle 3: Durch Partek Flow unterstützte Anwendungen

Anwendung	Beschreibung
DNA-Sequenzierung	Keimbahn-Calling und Calling somatischer Varianten, Nachweis von SNPs, Indels und CNVs, Annotation und Klassifizierung von Varianten, Nachweis bekannter und neuartiger Varianten sowie Prognose der Auswirkungen von Varianten auf die biologische Funktion
RNA-Seq	Bestimmung von unterschiedlich exprimierten Genen und alternativem Spleißen sowie Visualisierung von Ergebnissen zur Isoformen-Expression mit dem integrierten Genombrowser
ChIP-Seq/ATAC-Seq	Untersuchung der Genregulation und der Chromatinzugänglichkeit, Zusammenführung der Ergebnisse von ChIP-Seq bzw. ATAC-Seq mit RNA-Seq-Daten sowie Visualisierung alignierter Reads und erkannter Peak-Regionen anhand der Chromosomenansicht
Metagenomik	Zugriff mit Kraken2 und leistungsstarken Statistiktools auf ultraschnelle Metagenomik-Klassifizierung zur genauen Bestimmung von Sequenzierungs-Reads und Bestimmung bedeutsamer Veränderungen der mikrobiellen Vielfalt
Microarray	Import von Microarray-Daten, Alignment auf ein Referenzgenom oder Quantifizierung in Bezug auf das Transkriptom, Analyse der Ergebnisse mit leistungsstarken multivariaten Statistikalgorithmen, Vergleich der Ergebnisse mit NGS-Datensätzen sowie Visualisierung der Ergebnisse
Einzelzell- und räumliche Analyse ^a	Automatische Klassifizierung einzelner Zellen, Overlay von Genexpressionsdaten zur Visualisierung räumlicher Beziehungen, Datenanalyse zur Mustererkennung in der Gen- oder Proteinexpression, probenübergreifender Vergleich von Zelltyppopulationen, Analyse und Visualisierung mehrerer Proben gemeinsam oder unabhängig voneinander sowie Untersuchung von Clustern in ihrem räumlichen Kontext
Partek Pathways	Berechnung der Signalweganreicherung, Nachweis von unterbrochenen bzw. bedeutenden Signalwegen, Suche nach spezifischen Signalwegen und Genen sowie Farbcodierung von Genen anhand von p-Werten und Fold-Changes zur Visualisierung von Genbeziehungen.

a. Separat als Add-on zur Partek Flow-Software erhältlich.

Flexible, skalierbare Workflows

Dank der fortschrittlichen Tools, Benutzerverwaltungsoptionen und flexiblen Skalierungsfunktionen können Zentrallabore und Großunternehmen ihre Betriebseffizienz erhöhen. Labore haben die Möglichkeit, zur Standardisierung und Automatisierung häufiger Aufgaben anwendungsspezifische Analysepipelines zu erstellen, und können Workflows sowie Daten ohne Datenübertragung einfach für Beteiligte freigeben. Partek Flow lässt sich zentral installieren, sodass Labore den Benutzerzugriff verwalten, Audit-Trails überprüfen, Aufgaben bei Bedarf neu priorisieren und die automatisierte Steuerung über die REST-API in einer sicheren Umgebung einrichten können. Zudem umfasst Partek Flow für Unternehmen geeignete Tools für die Speicherung, Verwaltung und gemeinsame Analyse großer Genomik-Datensätze. Unabhängig davon, ob die Bereitstellung über die Cloud, Cluster oder Server erfolgt, bietet Partek Flow anpassbare Rechenressourcen sowie die Flexibilität für die Skalierung zur Erfüllung dynamischer Anforderungen.

Zusammenfassung

Partek Flow ist eine benutzerfreundliche Bioinformatikplattform, die die einfache Analyse von NGS- und umfangreichen Multiomik-Daten mithilfe einer grafischen Benutzeroberfläche ermöglicht. Die Software eignet sich für vielfältige Anwendungsbereiche, darunter DNA-Sequenzierung, Bulk-RNA-Seq, ChIP-Seq/ATAC-Seq, Einzelzellanalyse, räumliche Transkriptomik, Signalweganalyse, Microarray-Analyse und Metagenomik. Robuste Statistikalgorithmen, aussagekräftige Visualisierungen, eine interaktive Benutzeroberfläche und modernste Genomik-Tools ermöglichen Forschern die verlässliche Analyse ihrer Daten, ohne dass hierfür fortgeschrittene Bioinformatikkenntnisse erforderlich sind. Partek Flow zeichnet sich durch flexible Installationsoptionen und Tools für Einzelanwender, Zentrallabore und Großunternehmen aus.

Weitere Informationen

[Partek Flow-Software](#)

[Multiomik-Verfahren](#)

Bestellinformationen

Bei geeigneten Anfragen bietet Illumina eine kostenlose 14-Tage-Testversion von Partek Flow, für die Anwender öffentlich verfügbare Daten verwenden oder eigene Daten hochladen können. Es sind Labor- und Unternehmensversionen verfügbar. Weitere Informationen [erhalten Sie beim Vertrieb von Illumina](#).



1 800 8094566 (USA, gebührenfrei) | +1 858 2024566 (Tel. außerhalb der USA)
techsupport@illumina.com | www.illumina.com

© 2024 Illumina, Inc. Alle Rechte vorbehalten. Alle Marken sind Eigentum von Illumina, Inc. bzw. der jeweiligen Inhaber. Spezifische Informationen zu Marken finden Sie unter www.illumina.com/company/legal.html.
M-GL-03002 DEU v1.0