

Software Partek™ Flow™

Plataforma de bioinformática
para análise de dados
multiômicos fácil de usar

- Analise facilmente conjuntos de dados multiômicos com uma interface de usuário intuitiva
- Obtenha resultados confiáveis com algoritmos robustos para análise de dados
- Simplifique a interpretação biológica com visualizações interativas e personalizáveis

illumina®

Acelere insights de dados multiômicos

Os cientistas estão adotando cada vez mais abordagens multiômicas para impulsionar a descoberta em vários níveis da biologia e conectar melhor o genótipo ao fenótipo. Ao combinar dados genômicos com dados de outras modalidades que medem a expressão gênica, a regulação gênica e os níveis de proteína, a multiômica fornece uma visão mais holística da função celular e permite insights biológicos mais profundos.

No entanto, analisar os grandes volumes de dados gerados em estudos multiômicos normalmente requer conhecimento avançado em bioinformática. Além disso, integrar resultados e visualizar dados de vários ensaios representa um gargalo significativo para os laboratórios.

A Illumina oferece o software Partek Flow, uma plataforma de bioinformática intuitiva que facilita a análise e visualização de célula única, expressão gênica, sequenciamento de imunoprecipitação de cromatina (ChIP-Seq), transcriptômica espacial e outros dados utilizados em pesquisas multiômicas, auxiliando na superação desses desafios. Este software intuitivo de análise genômica possibilita que pesquisadores de diferentes níveis de habilidade obtenham o máximo de insights dos dados, por meio de uma interface fácil de usar, algoritmos estatísticos avançados, visualizações detalhadas e ferramentas genômicas de última geração para análise de dados.

Solução integrada

A Illumina disponibiliza um conjunto completo de ferramentas genômicas, projetadas para realizar análises multiômicas, com fluxos de trabalho que apoiam tendências emergentes e avanços na pesquisa multiômica. O software Partek Flow é compatível com dados gerados através de fluxos de trabalho Illumina NGS (Figura 1) e possibilita a apuração de insights multiômicos de alta resolução. O software acomoda arquivos de entrada do DRAGEN™ secondary analysis ou de qualquer plataforma de terceiros, oferecendo máxima flexibilidade.

Interface fácil de usar

O software Partek Flow oferece uma interface gráfica intuitiva ideal para pessoas com pouca experiência em bioinformática (Figura 2). Ações simples de apontar e clicar e menus contextuais apresentam opções relevantes que simplificam o processo de criação de pipelines. Os diálogos claros explicam as etapas de análise e visualização à medida que acontecem, permitindo que os usuários realizem análises de dados com confiança e facilidade. Além disso, o software Partek Flow oferece aos laboratórios centrais e aos profissionais em bioinformática acesso a ferramentas avançadas, pipelines personalizáveis e controles de usuário.

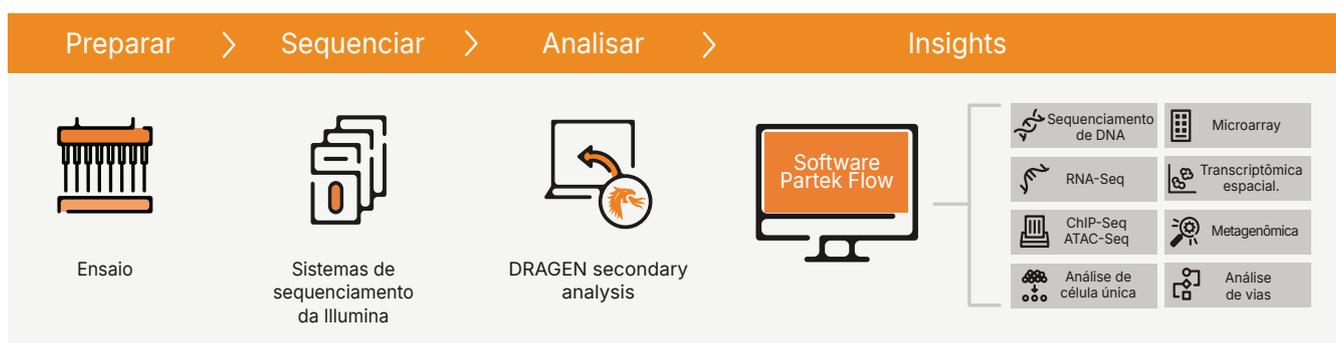


Figura 1: o software Partek Flow se integra aos fluxos de trabalho do Illumina NGS: o Partek Flow comporta arquivos de dados gerados com o DRAGEN secondary analysis e outras plataformas comercialmente disponíveis para análise de dados multiômica, visualização e interpretação biológica.

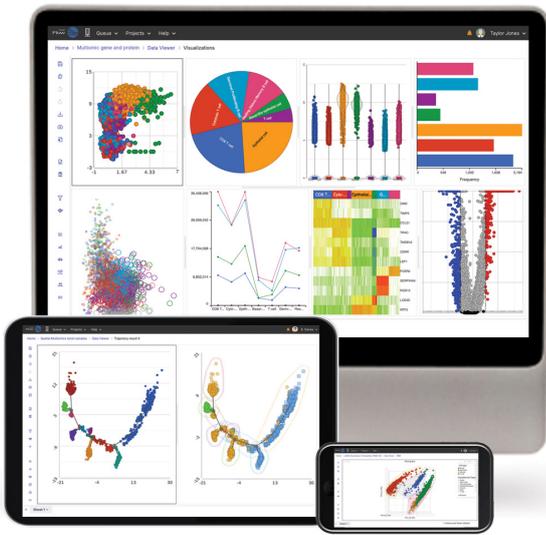


Figura 2: interface do usuário do software Partek Flow: a interface gráfica permite que os usuários realizem análises com gestos simples de apontar e clicar. O software Partek Flow pode ser instalado em servidor, cluster e nuvem e pode ser acessado de qualquer navegador em seu dispositivo preferido.

Com o software Partek Flow, os pesquisadores podem gerar visualizações prontas para publicação, compartilhar pipelines de análise personalizados com colaboradores, integrar dados multiômicos e fenotípicos, expandir coortes com conjuntos de dados públicos selecionados para fortalecer os estudos, e realizar análises estatísticas, tudo em uma única plataforma.

Ferramentas poderosas de análise multiômica

A integração de descobertas a partir de modalidades complementares, incluindo genômica, transcriptômica, epigenômica e proteômica, em conjuntos de dados multiômicos, fornece uma imagem mais abrangente da função celular e ajuda a extrair mais informações de alta qualidade de cada amostra. O software Partek Flow oferece suporte abrangente para aplicações multiômicas e é compatível com uma ampla gama de entradas (Tabela 1). O software inclui ferramentas de análise criadas com algoritmos estatísticos padrão de mercado publicamente disponíveis para que os pesquisadores possam ter confiança em seus resultados (Tabela 2).

Em cada etapa do processo, desde dados brutos até a identificação de variantes, o software Partek Flow fornece relatórios abrangentes de GQ/CQ para verificar a qualidade dos dados e ferramentas e remover dados de baixa qualidade.

O software permite a determinação simultânea de perfis de alta resolução do genoma, do transcriptoma, do epigenoma e do proteoma. Os usuários podem explorar dados multiômicos das seguintes maneiras:

- Avaliação das relações entre diferentes camadas ômicas (Figura 3)
- Separação e combinação de várias modalidades para descobrir relações ocultas (Figura 4)
- Retenção de informações relevantes para cada camada ômica e, em seguida, mesclagem de matrizes para explorar dados individuais e combinados (Figura 5)

As ferramentas de análise e visualização incluídas no software Partek Flow são compatíveis com uma variedade de aplicações, incluindo sequenciamento de DNA, RNA-Seq, CHIP-Seq/ATAC-Seq e muito mais (Tabela 3). Complementos para análise de célula única e espacial e análise de vias podem ser comprados conforme necessário.

Tabela 1: Formatos de arquivo de entrada compatíveis

Aplicação	Formato do arquivo de entrada ^a
Sequenciamento de DNA	BAM, BCF, BCL, CBCL, FASTA, FASTA.GZ, FASTQ, FASTQ.GZ, SAM, SRA, VCF e VCF.GZ
RNA-Seq	BAM, BCL, CBCL, matriz de contagem (CSV, TSV, TXT), FASTA, FASTA.GZ, FASTQ, FASTQ.GZ, SAM e SRA.
Análise de célula única	Matriz de contagem (CSV, TSV, TXT), H5, H5AD, matriz esparsa (MTX), objetos Seurat (RDS, QS) e BED
Análise espacial	10x Space Ranger e NanoString CosMx
CHIP-Seq/ATAC-Seq	BAM, CBCL, matriz de contagem (CSV, TSV, TXT), FASTA, FASTA.GZ, FASTQ, FASTQ.GZ, SAM e SRA
Metagenômica	CBCL, FASTA, FASTA.GZ, FASTQ, FASTQ.GZ e SRA
Análise de microarrays	CEL e matriz de intensidade (CSV, TSV, TXT)
Proteômica	Olink (TXT), SomaLogic (ADAT) e Akoya (CSV, TXT)

a. A lista não é exaustiva.

Tabela 2: Análises estatísticas incluídas no software Partek Flow

Aplicação	Análise estatística
Normalização e escalabilidade	RPKM, TMM, scTransform, deconvolução de Scran, normalização de TF-IDF, entre outros
Redução da dimensionalidade	PCA, t-SNE, UMAP e SVD
Remoção do efeito de lote	Modelo linear geral, Harmony e integração Seurat3
Clusterização	K-means, análise de clusterização hierárquica e baseada em gráficos
Análise diferencial	DESeq2, GSA, modelo Hurdle, LIMMA-trend, LIMMA-voom, regressão binomial negativa, regressão de Poisson, ANOVA unidirecional, ANOVA não paramétrica (testes de Kruskal-Wallis e Dunn), ANOVA de Welch, ANOVA multifatorial e ANOVA de splicing alternativo
Outros	Análise de sobrevivência (regressão de Kaplan-Meier e Cox), análise de correlação, cálculo de biomarcadores e estatística descritiva

Alt-splicing; splicing alternativo; ANOVA, análise de variância; GSA, análise específica do gene; LIMMA, modelos lineares para dados de microarrays; PCA, análise de componentes principais; RPKM, leituras por quilobase por milhão de leituras mapeadas; SVD, decomposição de valor singular; TF-IDF, frequência do termo-frequência inversa dos documentos; TMM, média truncada de valores M; t-SNE, incorporação estocástica de vizinhança t-distribuída; UMAP, aproximação e projeção uniformes do coletor.

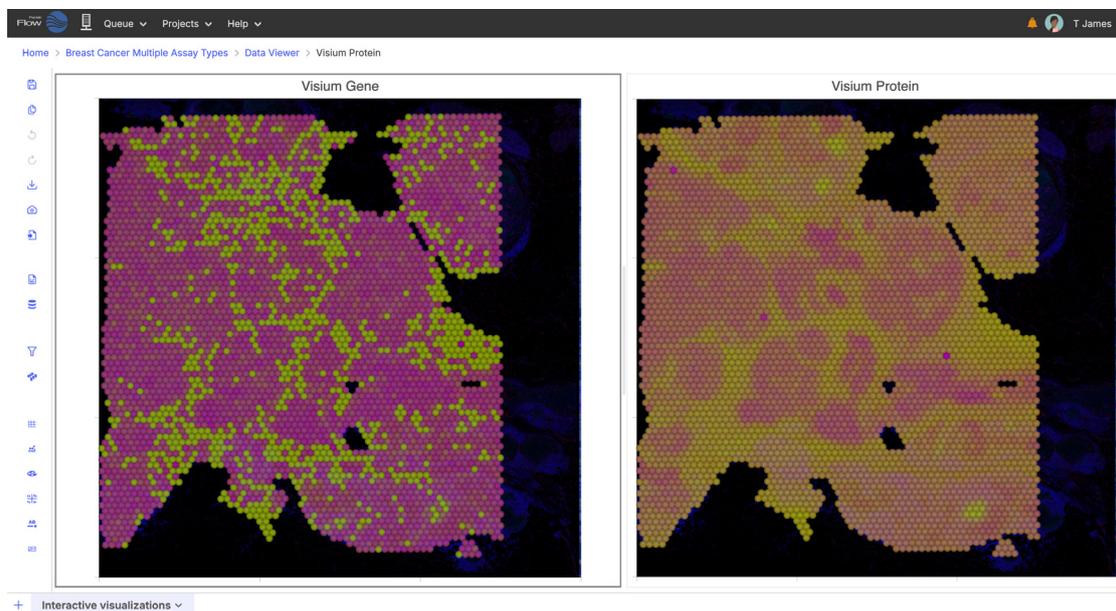


Figura 3: recurso de combinação de dados da expressão com a histologia para transcriptômica espacial: a saída da amostra do visualizador de dados do Partek Flow mostra os dados de transcriptômica espacial coloridos com base na expressão de *BCL2* para expressão de gene (esquerda) e proteína (direita).

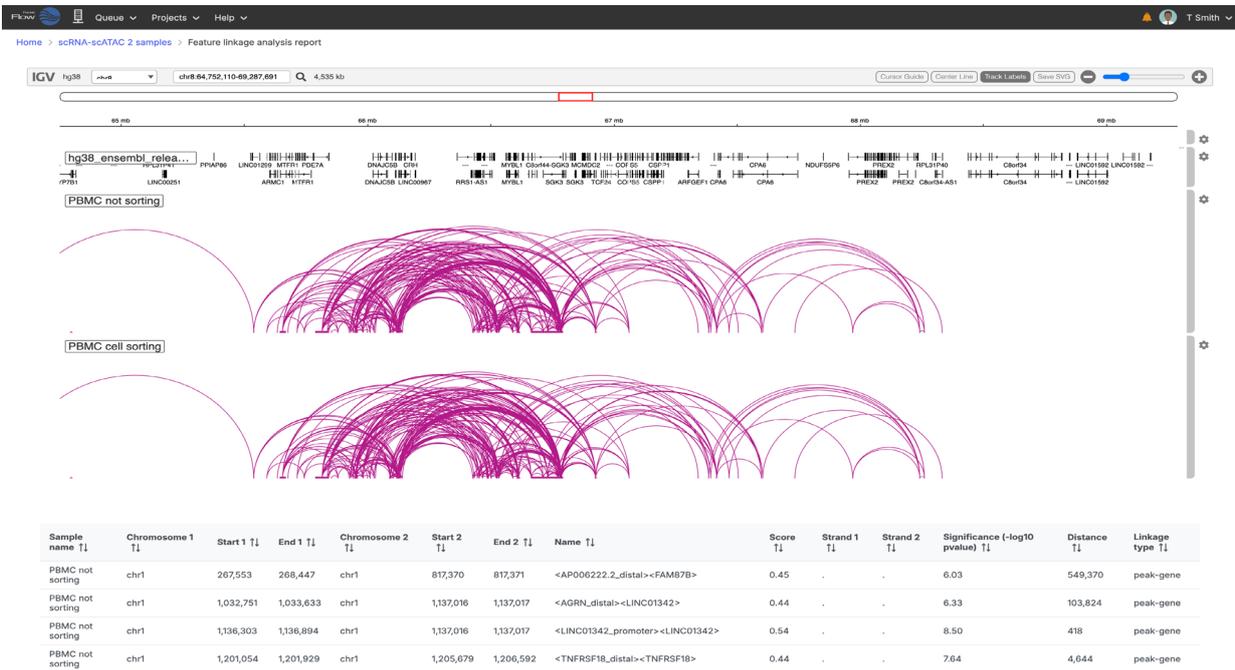


Figura 4: exploração de camadas multiômicas de dados simultaneamente: saída de amostra do software Partek Flow que exibe os resultados de ligação de recursos para os conjuntos de dados de RNA-Seq e ATAC-Seq de célula única para estudar a expressão gênica e possíveis reguladores conjuntamente.



Figura 5: obtenção de uma visão holística da função celular com dados integrados de RNA-Seq e CITE-Seq: a saída da amostra gerada com aproximação e projeção uniformes do coletor (UMAP) para redução da dimensão é usada para determinar o perfil de dados transcriptômicos e proteômicos simultaneamente, fornecendo uma visão dupla dos estados das células. CITE-Seq, indexação celular de transcriptomas e epítomos por sequenciamento.

Tabela 3: Suporte a aplicações disponível no software Partek Flow

Aplicação	Descrição
Sequenciamento de DNA	Identificação de variantes de linha genética e somáticas, detecção de SNPs, indels e CNVs, anotação e classificação de variantes, detecção de variantes conhecidas e novas e previsão do impacto de variantes na função biológica
RNA-Seq	Identificação de genes expressos de forma diferencial e splicing alternativo e visualização dos resultados da expressão de isoformas com o navegador de genoma integrado
ChIP-Seq/ATAC-Seq	Exploração de regulação genética e acessibilidade à cromatina, integração dos resultados do ChIP-Seq ou ATAC-Seq com dados de RNA-Seq e visualização de leituras alinhadas e regiões de pico detectadas com a visualização cromossômica
Metagenômica	Acesso à classificação metagenômica ultrarrápida com Kraken2 e ferramentas estatísticas poderosas para identificação taxonômica precisa de leituras de sequenciamento, com a finalidade de descobrir alterações significativas na diversidade microbiana
Microarray	Importação de dados de microarrays, alinhamento de genoma de referência ou quantificação em relação ao transcriptoma, análise de resultados com poderosos algoritmos estatísticos multivariados, comparação de resultados com conjuntos de dados de NGS e visualização de descobertas
Análise de célula única e espacial ^a	Classificação de células únicas automaticamente, sobreposição de dados de expressão gênica para visualizar relações espaciais, análise de dados para identificação de padrões na expressão gênica ou proteica, comparação de populações de tipo celular entre amostras, análise e visualização de várias amostras conjuntas ou de forma independente e exploração de clusters em seu contexto espacial
Via Partek ^a	Cálculo de enriquecimento da via, detecção de vias rompidas ou influentes, pesquisa de vias e genes específicos e genes de código de cores com base em valores-p e alterações de dobra para visualizar as relações genéticas

a. Pode ser adquirido separadamente como um complemento ao software Partek Flow.

Fluxos de trabalho flexíveis e escaláveis

O software Partek Flow oferece ferramentas avançadas, controles de administração de usuários e capacidades flexíveis de escalabilidade que os laboratórios centrais e as organizações empresariais precisam para melhorar a eficiência operacional. Os laboratórios podem criar pipelines de análise personalizados para padronizar e automatizar as tarefas realizadas com mais frequência e, em seguida, compartilhar facilmente fluxos de trabalho e dados com colaboradores sem a necessidade de transferir dados. O software Partek Flow pode ser instalado em um local centralizado, permitindo que os laboratórios gerenciem o acesso do usuário, revisem trilhas de auditoria, priorizem as tarefas quando necessário e configurem o controle automatizado por meio da API REST em um ambiente seguro. Além disso, o software Partek Flow oferece ferramentas empresariais para armazenar, gerenciar e analisar colaborativamente grandes conjuntos de dados genômicos. Seja pelo uso da implantação em nuvem, do cluster ou do servidor, o software Partek Flow fornece recursos elásticos de computação e flexibilidade para escalar fluxos de trabalho e atender a necessidades em constante mudança.

Resumo

O software Partek Flow é uma plataforma de bioinformática fácil de usar que permite a análise simplificada de sequenciamento de última geração e dados multiômicos em larga escala por meio de uma interface do usuário visual. O software é compatível com várias aplicações, incluindo sequenciamento de DNA, RNA-Seq em massa, ChIP-Seq/ATAC-Seq, análise de célula única, transcriptômica espacial, análise de vias, análise de microarrays e metagenômica. Algoritmos estatísticos robustos, visualizações ricas em informações, interface interativa e ferramentas genômicas de ponta permitem que os pesquisadores analisem seus dados com confiança, sem a necessidade de experiência avançada em bioinformática. O software Partek Flow oferece opções e ferramentas de instalação flexíveis para acomodar usuários individuais, laboratórios centrais e grandes organizações empresariais.

Saiba mais

[Software Partek Flow](#)

[Métodos multiômicos](#)

Informações para pedidos

Para consultas qualificadas, a Illumina oferece uma avaliação gratuita de 14 dias do software Partek Flow, permitindo que os usuários trabalhem com dados disponíveis publicamente ou carreguem seus próprios dados. Edições de laboratório ou corporativas estão disponíveis. [Entre em contato com um representante de vendas da Illumina](#) para obter mais informações.



+1 (800) 809-4566, ligação gratuita (EUA) | tel. +1 (858) 202-4566
techsupport@illumina.com | www.illumina.com

© 2024 Illumina, Inc. Todos os direitos reservados. Todas as marcas comerciais pertencem à Illumina, Inc. ou aos respectivos proprietários. Para obter informações específicas sobre marcas comerciais, consulte www.illumina.com/company/legal.html.
M-GL-03002 PTB v1.0