

Partek™ Flow™ ソフトウェア

マルチオミクスデータ解析の
使いやすいバイオインフォマティクス
プラットフォーム

- 直感的なユーザーインターフェースでマルチオミクスデータセットを簡単に解析
- ロバストなデータ解析アルゴリズムで信頼できる結果を取得
- インタラクティブでカスタマイズ可能な視覚化によるシンプルな生物学的解釈

illumina®

マルチオミクスデータからの洞察を加速

生物学の複数のレベルにわたる発見を促進し、遺伝型と表現型をより適切に結び付けるために、マルチオミクスアプローチはますます多く使われるようになってきました。マルチオミクスは、ゲノムデータと、遺伝子発現、遺伝子制御、タンパク質レベルを測定する他の手法のデータとを組み合わせることで、細胞機能のより総合的な視点を提供し、より深い生物学的洞察を可能にします。ただし、マルチオミクス研究で生成される大量のデータを解析するには、通常、高度なバイオインフォマティクスの専門知識が必要です。さらに、複数アッセイの結果統合やデータの視覚化は、大きなボトルネックとなります。

これらの課題に対処するために、イルミナは、シングルセル、遺伝子発現、クロマチン免疫沈降シーケンス (ChIP-Seq)、空間トランスクリプトミクス、およびマルチオミクス研究に使用されるその他のデータを解析および視覚化するための使いやすいバイオインフォマティクスプラットフォームであるPartek Flowソフトウェアを提供しています。この直感的なゲノム解析ソフトウェアは、使いやすいインターフェース、ロバストな統計アルゴリズム、情報豊富な視覚化、データ解析用の最先端のゲノム解析ツールを備えており、あらゆるスキルレベルの研究者がデータから最大限の洞察を引き出すことを可能にします。

統合ソリューション

イルミナは、マルチオミクス研究の新たなトレンドと進歩をサポートするように構築されたワークフローを使用して、マルチオミクス解析を可能にする包括的なゲノムツールスイートを提供します。Partek Flowソフトウェアは、イルミナNGSワークフローを使用して生成されたデータに対応しており (図1)、高解像度のマルチオミクスの洞察を可能にします。このソフトウェアはDRAGEN™二次解析またはサードパーティー製のプラットフォームからのインプットファイルに対応し、最大限の柔軟性を実現します。

使いやすいインターフェース

Partek Flowソフトウェアは、バイオインフォマティクスの経験が限られている人に最適な、直感的なグラフィカルユーザーインターフェースを備えています (図2)。シンプルなポイントアンドクリックアクションとコンテキストに応じたメニューにより、パイプラインの構築プロセスをシンプルにする関連オプションが表示されます。わかりやすいダイアログにより、解析と視覚化の手順が説明されるため、自信を持って簡単にデータ解析を実施できます。さらに、バイオインフォマティクスの専門知識を持つコアラボやユーザー向けに、Partek Flowソフトウェアは高度なツール、カスタマイズ可能なパイプライン、およびユーザーコントロールへのアクセスを提供します。



図1: Partek Flow ソフトウェアはイルミナNGSワークフローと統合されます: Partek Flowソフトウェアは、DRAGEN二次解析やその他の市販のプラットフォームで生成されたデータファイルに対応し、マルチオミクスデータの解析、視覚化、生物学的解釈に使用できます。



図2: Partek Flowソフトウェアユーザーインターフェース:グラフィカルインターフェースにより、簡単なポイントアンドクリック動作で解析を実施できます。Partek Flowソフトウェアは、サーバー、クラスター、クラウドにインストールでき、任意のデバイスの任意のブラウザからアクセスできます。

Partek Flowソフトウェアを使用することで、論文用の図を作成し、カスタマイズされた解析パイプラインを共同研究者と共有し、マルチオミクスおよび表現型データを集約し、研究に十分な検出力を得るためにキュレーションされた公開データセットを含むようにコホートを拡張し、統計解析を実施する、これらすべてを単一のプラットフォームで実施できます。

パワフルなマルチオミクス解析ツール

ゲノミクス、トランスクリプトミクス、エピゲノミクス、プロテオミクスなどの相補的手法からの知見をマルチオミクスデータセットに統合することで、細胞機能のより包括的な像が得られ、あらゆるサンプルからより高品質な情報を抽出できるようになります。Partek Flowソフトウェアは、マルチオミクスアプリケーションを包括的にサポートし、幅広いインプットに対応します(表1)。このソフトウェアには、公開されている業界標準の統計アルゴリズムを使用して構築された解析ツールが含まれているため、結果に自信を持つことができます(表2)。

Partek Flowソフトウェアは、生データからバリエーションコールまでのプロセスの各ステップで、データ品質をチェックするための包括的なQA/QCレポートと、低品質データを除去するためのツールを提供します。

このソフトウェアにより、ゲノム、トランスクリプトーム、エピゲノム、プロテオームの同時高解像度プロファイリングが可能になります。次の方法でマルチオミクスデータを探索できます。

- 異なるオミクス層間の関係性を評価(図3)
- さまざまなモダリティを分離して組み合わせることで、隠れた関係性を明らかに(図4)
- 各オミクス層の関連情報を保持し、マトリクスを融合して個々のデータと結合されたデータの両方を探索(図5)

Partek Flowソフトウェアに含まれる解析および視覚化ツールは、DNAシーケンス、RNA-Seq、ChIP-Seq/ATAC-Seqなど、さまざまなアプリケーションに対応します(表3)。シングルセルおよび空間解析、パスウェイ解析のアドオンは必要に応じて購入できます。

表1: 対応するインプットファイル形式

アプリケーション	インプットファイル形式 ^a
DNAシーケンス	BAM, BCF, BCL, CBCL, FASTA, FASTA.GZ, FASTQ, FASTQ.GZ, SAM, SRA, VCF, VCF.GZ
RNA-Seq	BAM, BCL, CBCL, カウントマトリクス(CSV, TSV, TXT)、FASTA, FASTA.GZ, FASTQ, FASTQ.GZ, SAM, SRA
シングルセル解析	カウントマトリクス(CSV, TSV, TXT)、H5, H5AD, スパースマトリクス(MTX)、Seuratオブジェクト(RDS, QS)、BED
空間解析	10x Space Ranger, NanoString CosMx
ChIP-Seq/ATAC-Seq	BAM, CBCL, カウントマトリクス(CSV, TSV, TXT)、FASTA, FASTA.GZ, FASTQ, FASTQ.GZ, SAM, SRA
メタゲノミクス	CBCL, FASTA, FASTA.GZ, FASTQ, FASTQ.GZ, SRA
マイクロアレイ解析	CEL, シグナル強度マトリクス(CSV, TSV, TXT)
プロテオミクス	Olink(TXT)、SomaLogic(ADAT)、Akoya(CSV, TXT)

a. このリストはすべてを含んでいるわけではありません。

表2: Partek Flowソフトウェアに含まれる統計解析

アプリケーション	統計解析
ノーマライゼーションとスケーリング	RPKM、TMM、scTransform、Scranデコンボリューション、TF-IDF正規化など
次元削減	PCA、t-SNE、UMAP、SVD
バッチ効果の除去	一般線形モデル、Harmony、Seurat3積分
クラスタリング	K平均法、グラフベース、階層的クラスタリング分析
発現差解析	DESeq2、GSA、ハードルモデル、LIMMAトレンド、LIMMA-voom、負の二項回帰、ポアソン回帰、一元配置分散分析、ノンパラメトリック分散分析 (Kruskal-Wallis検定およびDunn検定)、ウェルチの分散分析、多因子分散分析、およびalt-splicing分散分析
その他	生存解析 (カプランマイヤー回帰とコックス回帰)、相関分析、バイオマーカー計算、記述統計

Alt-splicing: 選択的スプライシング、ANOVA: 分散分析、GSA: 遺伝子特異的解析、LIMMA: マイクロアレイデータ線形モデル、PCA: 主成分分析、RPKM: マッピングされた100万リードあたりのキロベースあたりのリード数、SVD: 特異値分解、TF-IDF: Term Frequency-Inverse Document Frequency、TMM: M値のトリム平均、t-SNE: t分布確率的近傍埋め込み法、UMAP: Uniform Manifold Approximation and Projection。

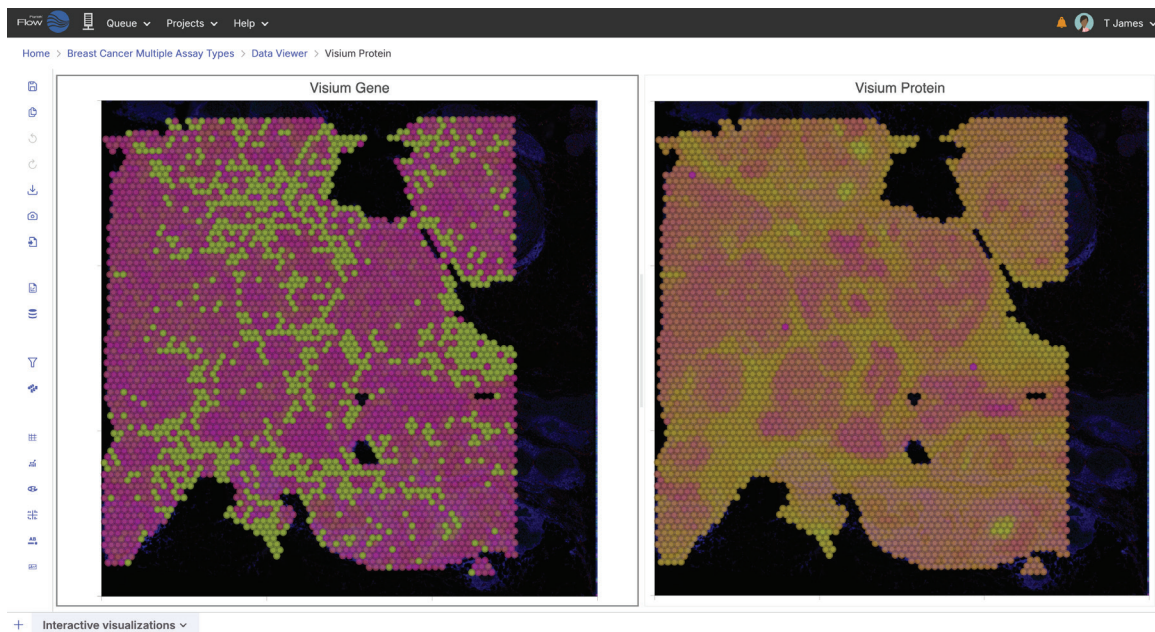


図3: 発現データと組織学の特徴を組み合わせた空間トランスクリプトミクス: Partek Flowデータビューアからの出力例。空間トランスクリプトミクスデータを *BCL2* 遺伝子の発現 (左) とタンパク質の発現 (右) に基づいて色分けして表示します。

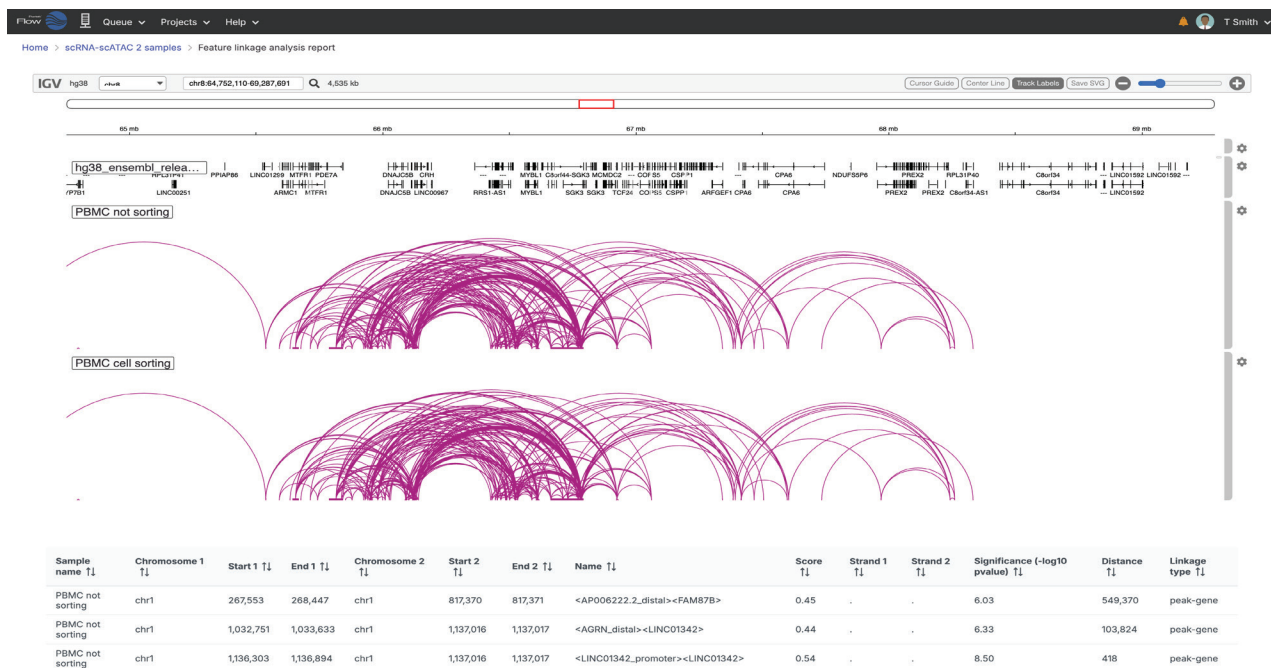


図4：マルチオミクスレイヤーによるデータ同時探索：シングルセルRNA-SeqおよびATAC-Seqデータセットのフィーチャーリンケージ結果を示すPartek Flowソフトウェアからの出力例。遺伝子発現と潜在的な調節因子を一緒に研究することができます。

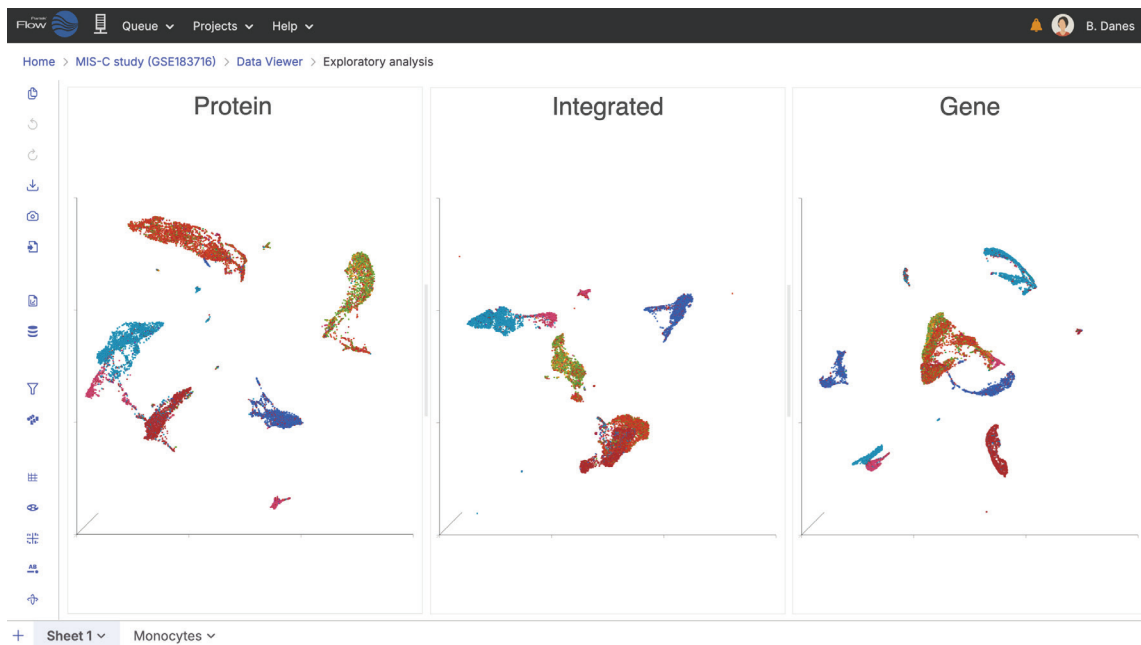


図5：RNA-SeqおよびCITE-Seq統合データを使用して細胞機能の全体像を把握：次元削減のためにUniform Manifold Approximation and Projection (UMAP) を使用して生成された出力例。トランスクリプトミクスデータとプロテオームデータの両方を同時にプロファイルすることで、細胞状態の2つの知見が得られます。CITE-Seq: cellular indexing of transcriptomes and epitopes by sequencing

表3: Partek Flowソフトウェアで対応可能なアプリケーション

アプリケーション	説明
DNAシーケンス	生殖系列および体細胞バリエーションをコールし、SNP、Indel、CNVを検出し、バリエーションにアノテーションを付けて分類。既知および新規のバリエーションを検出し、バリエーションが生物学的機能に与える影響を予測。
RNA-Seq	統合ゲノムブラウザーを使用して、発現差異のある遺伝子と選択的スプライシングを同定し、アノテーションされた発現結果を視覚化。
ChIP-Seq/ATAC-Seq	遺伝子制御とクロマチンアクセシビリティを探索し、ChIP-SeqまたはATAC-Seqの結果をRNA-Seqデータと統合。染色体ビューでアライメントされたリードと検出されたピーク領域を視覚化。
メタゲノミクス	Kraken2による超高速メタゲノム分類と強力な統計ツールにアクセス。シーケンスリードの正確な分類学的識別を行い、微生物多様性の有意な変化を明示。
マイクロアレイ	マイクロアレイデータをインポートし、リファレンスゲノムにアライメントするか、トランスクリプトームに対して定量化。強力な多変量統計アルゴリズムで結果を解析し、結果をNGSデータセットと比較し、視覚化。
シングルセルと空間解析 ^a	シングルセルを自動的に分類、遺伝子発現データを重ね合わせて空間関係を視覚化。データを解析して遺伝子またはタンパク質発現のパターンを同定し、サンプル間で細胞型集団を比較し、複数のサンプルをまとめてまたは個別に解析および視覚化し、空間コンテキストでクラスターを探索。
Partekパスウェイ ^a	パスウェイエンリッチメントを計算し、乱されたパスウェイや影響を及ぼすパスウェイを検出。特定のパスウェイと遺伝子を検索し、p値と倍数変化に基づいて遺伝子を色分けして遺伝子の関係を視覚化。

a. Partek Flowソフトウェアのアドオンとして別途購入できます。

柔軟で拡張性のあるワークフロー

Partek Flowソフトウェアは、コアラボや企業組織が運用効率を高めるために必要な高度なツール、ユーザー管理コントロール、柔軟なスケーリング機能を提供します。カスタム解析パイプラインを作成して、最も頻繁に使用されるタスクを標準化および自動化し、データを転送することなく共同研究者とワークフローやデータを簡単に共有できます。Partek Flowソフトウェアは集中管理された場所にインストールできるため、ラボはユーザーアクセスを管理し、監査証跡を確認し、必要に応じてタスクの優先順位付けを変更し、安全な環境でREST APIを介して自動制御を設定できます。さらに、Partek Flowソフトウェアは、大規模なゲノムデータセットを保存、管理、共同で解析するためのエンタープライズツールを提供します。クラウド、クラスター、またはサーバーに導入されたいずれを使用する場合でも、Partek Flowソフトウェアは、弾力性のあるコンピューティングリソースと、常に変化するニーズに合わせてワークフローを拡張する柔軟性を提供します。

まとめ

Partek Flowソフトウェアは、次世代シーケンスと大規模なマルチオミクスデータの簡単な解析を視覚的なユーザーインターフェースで可能にする、使いやすいバイオインフォマティクスプラットフォームです。このソフトウェアは、DNAシーケンス、バルクRNA-Seq、ChIP-Seq/ATAC-Seq、シングルセル解析、空間トランスクリプトミクス、パスウェイ解析、マイクロアレイ解析、メタゲノミクスなど、複数のアプリケーションに対応します。ロバストな統計アルゴリズム、情報豊富な視覚化、インタラクティブなインターフェース、最先端のゲノムツールにより、高度なバイオインフォマティクスの専門知識を必要とせずに自信を持ってデータを分析できるようになります。Partek Flowソフトウェアは、個々のユーザー、コアラボ、大規模な企業組織に対応できる柔軟なインストールオプションとツールを提供します。

詳細はこちら

[Partek Flowソフトウェア](#)
[マルチオミクス法](#)

製品情報

条件を満たした場合、Partek Flowソフトウェアの14日間無料トライアルを提供しています。公開データを使用したり、独自のデータをアップロードしたりすることができます。ラボまたはエンタープライズエディションがご利用いただけます。詳細は、[イルミナの営業担当](#)にお問い合わせください。

イルミナ株式会社

〒108-0014 東京都港区芝 5-36-7 三田ベルジュビル 22階
Tel (03) 4578-2800 Fax (03) 4578-2810
jp.illumina.com

 www.facebook.com/illuminakk

販売店

本製品の使用目的は研究に限定されます。診断での使用はできません。 販売条件：jp.illumina.com/tc

© 2025 Illumina, Inc. All rights reserved.
すべての商標および登録商標は、Illumina, Inc. または各所有者に帰属します。
商標および登録商標の詳細は jp.illumina.com/company/legal.html をご覧ください。
予告なしに仕様および希望販売価格を変更する場合があります。

illumina[®]