DATA SHEET

Partek™ Flow™ 소프트웨어

멀티오믹스 데이터 분석에 적합한 사용하기 쉬운 바이오인포매틱스 플랫폼

- 직관적인 사용자 인터페이스(UI)로 손쉽게 멀티오믹스 데이터 세트 분석 가능
- 강력한 데이터 분석 알고리즘을 이용하여 신뢰할 수 있는 결과 획득
- 맞춤화가 가능한 인터랙티브 데이터 시각화를 통해 생물학적 해석 단계 간소화

illumina®

연구 전용입니다. 진단 절차에는 사용할 수 없습니다.

멀티오믹스 데이터에서 더 빠르게 통찰력 확보

점점 더 많은 과학자들이 다양한 생명 활동 수준에서의 발견을 가속화하고 유전형(genotype)과 표현형(phenotype) 간 더 명확한 연결 고리를 찾기 위해 멀티오믹스(multiomics) 분석 방법을 도입하고 있습니다. 멀티오믹스는 유전자 발현(gene expression), 유전자 조절(gene regulation) 및 단백질 레벨을 측정하는 다양한 양식(modality)의 데이터를 유전체(genome) 데이터와 결합함으로써 세포 기능에 대한 보다 전체론적인 관점(holistic view)과 더 깊은 생물학적 통찰력을 제시합니다. 그러나 멀티오믹스 연구 시 생성되는 방대한 데이터를 분석하기 위해서는 일반적으로 고급 바이오인포매틱스(bioinformatics, 생명정보학) 전문 지식이 요구됩니다. 또한 랩에서는 여러 assay를 사용해 얻은 결과를 통합하고 데이터를 시각화할 때에도 상당한 병목 현상을 겪고는 합니다.

Illumina는 이러한 장애물의 제거를 위해 연구자가 단일세포(single-cell), 유전자 발현, ChIP-Seq(chromatin immunoprecipitation with sequencing) 및 공간 전사체학(spatial transcriptomics) 연구 데이터뿐만 아니라 멀티오믹스 연구에 사용되는 다른 데이터도 손쉽게 분석하고 시각화할 수 있는 바이오인포매틱스 플랫폼인 Partek Flow 소프트웨어를 제공하고 있습니다. 이 직관적인 유전체 분석 소프트웨어는 사용이 용이한 인터페이스, 강건한 통계학적 알고리즘, 풍부한 정보를 제공하는 시각화 기능, 최첨단 유전체 데이터 분석 도구를 기반으로 연구자가 숙련도와 상관없이 데이터에서 얻는 정보를 최대한 활용할 수 있도록 해 줍니다.

통합 솔루션

Illumina는 최신 멀티오믹스 연구 동향 및 발전을 반영하도록 개발된 워크플로우로 멀티오믹스 분석을 실행하는 종합적인 유전체 도구 제품군을 제공합니다. Partek Flow 소프트웨어는 Illumina의 차세대 시퀀싱(next-generation sequencing, NGS) 워크플로우(그림 1)로 생성한 데이터의 사용을 지원하며 높은 해상도의 멀티오믹스 통찰력을 제시합니다. 또한 이 소프트웨어는 뛰어난 유연성을 제공하기 위해 DRAGEN™ Secondary Analysis나 서드파티 플랫폼으로 생성한 파일의 사용도 지원합니다.

사용하기 쉬운 인터페이스

Partek Flow 소프트웨어는 바이오인포매틱스 경험이 적은 연구자에게 적합한 직관적인 그래픽 사용자 인터페이스(graphical user interface, GUI)를 구현했습니다(그림 2). 간단한 포인트 앤 클릭(point-and-click) 동작과 맥락에 맞는 메뉴(context-sensitive menu)가 파이프라인 구축 과정을 간소화해 줄 수 있는 옵션을 표시해 줍니다. 이해하기 쉬운 대화 상자를 통해 데이터 분석 및 시각화 단계별 설명이 제공되므로 연구자는 확신을 가지고 손쉽게 데이터 분석을 실행할 수 있습니다. 또 Partek Flow 소프트웨어는 코어 랩과 바이오인포매틱스 전문 지식을 갖춘 연구자를 위한 고급 도구, 맞춤형 파이프라인, 사용자 정의 컨트롤(user control)도 제공합니다.

그림 1: Illumina NGS 워크플로우에 통합되는 Partek Flow 소프트웨어 — Partek Flow 소프트웨어는 멀티오믹스 데이터 분석, 시각화 및 생물학적 해석 시 DRAGEN Secondary Analysis나 다른 상용 플랫폼으로 생성한 데이터 파일의 사용을 지원함

연구 전용입니다. 진단 절차에는 사용할 수 없습니다.

그림 2: Partek Flow 소프트웨어 UI — Partek Flow 소프트웨어는 연구자의 간단한 포인트 앤 클릭 동작만으로 분석이 가능한 GUI를 제공함. Partek Flow 소프트웨어는 서버, 클러스터 및 클라우드에 설치할 수 있으며, 연구자는 선호하는 기기에서 다양한 브라우저를 통해 소프트웨어에 액세스할 수 있음

Partek Flow 소프트웨어를 이용하면 연구자는 단 하나의 플랫폼으로 바로 발표할 수 있는 시각화된 데이터를 얻고, 공동 연구자들과 맞춤화된 분석 파이프라인을 공유하며, 멀티오믹스 및 표현형 데이터를 취합하고, 검정력이 높은 연구(well-powered study)를 위해 큐레이션(curation)을 거친 데이터 세트를 포함하도록 코호트를 확대하며, 통계학적 분석도 실행할 수 있습니다.

강력한 멀티오믹스 분석 도구

멀티오믹스 데이터 세트에 유전체, 전사체, 후성유전체(epigenome), 단백체(proteome) 등 상호보완적인 양식의 데이터로 확보한 정보를 통합하면, 세포 기능을 더 포괄적으로 이해하고 각각의 샘플에서 더 높은 품질의 정보를 추출할 수 있습니다. Partek Flow 소프트웨어는 다양한 멀티오믹스 애플리케이션을 포괄적으로 지원하며 여러 형식의 파일을 사용할 수 있습니다(표 1). 또한 이 소프트웨어는 공개적으로 이용 가능한 업계 표준 통계 알고리즘으로 구축한 분석 도구를 포함하고 있어, 연구자가 분석 결과에 대한 확신을 가질 수 있습니다(표 2).

Partek Flow 소프트웨어는 원시 데이터부터 변이 검출 데이터까지 연구자가 프로세스 단계별로 데이터의 품질을 확인할 수 있도록 종합적인 품질 보증(quality assurance, QA)/품질 관리(quality control, QC) 보고서를 생성하며 저품질의 데이터를 제거하는 도구를 제공합니다.

Partek Flow 소프트웨어는 유전체, 전사체, 후성유전체 및 단백체의 고해상도 프로파일링을 동시에 실행할 수 있습니다. 연구자는 다음과 같이 멀티오믹스 데이터를 탐구해 볼 수 있습니다.

- 다양한 오믹스 층 간의 관계 확인(그림 3)
- 다양한 데이터 양식의 분리 및 결합으로 숨겨진 관계 발견(그림 4)
- 오믹스 층별 관련 정보를 보존한 후 매트릭스(metrics)를 병합하여 개별 데이터와 결합된 데이터 모두 연구(그림 5)

Partek Flow 소프트웨어에 포함된 분석 및 시각화 도구는 DNA 시퀀싱, RNA-Seq, ChIP-Seq/ATAC-Seq 등 다양한 애플리케이션을 지원합니다(표 3). 연구자는 필요시 단일세포 분석, 공간 분석 및 경로 분석 도구를 추가적으로 구입해 사용할 수 있습니다.

표 1: 지원되는 파일 형식

연구용 애플리케이션	지원되는 파일 형식[a]
DNA 시퀀싱	BAM, BCF, BCL, CBCL, FASTA, FASTA.GZ, FASTQ, FASTQ.GZ, SAM, SRA, VCF, VCF.GZ
RNA-Seq	BAM, BCL, CBCL, 발현량 행렬(count matrix; CSV, TSV, TXT), FASTA, FASTA.GZ, FASTQ, FASTQ.GZ, SAM, SRA.
단일세포 분석	발현량 행렬(CSV, TSV, TXT), H5, H5AD, 희소 행렬(sparse matrix; MTX), Seurat 객체(RDS, QS), BED
공간 분석	10x Space Ranger, NanoString CosMx
ChIP-Seq/ATAC-Seq	BAM, CBCL, 발현량 행렬(CSV, TSV, TXT), FASTA, FASTA.GZ, FASTQ, FASTQ.GZ, SAM, SRA
메타유전체 분석 (Metagenomics)	CBCL, FASTA, FASTA.GZ, FASTQ, FASTQ.GZ, SRA
마이크로어레이 (Microarray) 분석	CEL, 강도 행렬(intensity matrix; CSV, TSV, TXT)
단백체 분석	Olink(TXT), SomaLogic(ADAT), Akoya(CSV, TXT)

a. 이 목록은 지원되는 모든 파일 형식을 포함하지 않음

표 2: Partek Flow 소프트웨어에 포함되어 있는 통계학적 분석 도구

연구용 애플리케이션	통계학적 분석
정규화(Normalization) 및 스케일링(scaling)	RPKM, TMM, scTransform, Scran 디콘볼루션(deconvolution), TF-IDF 정규화 등
차원 축소 (Dimensionality reduction)	PCA, t-SNE, UMAP, SVD
배치 효과 제거 (Batch effect removal)	일반적인 선형 모델(linear model), Harmony, Seurat3 통합
클러스터링(Clustering)	K-평균(K-means), 그래프 기반 및 계층적 클러스터링 분석
차등 분석(Differential analysis)	DESeq2, GSA, Hurdle 모델, LIMMA-trend, LIMMA-voom, 음이항 회귀 분석(negative binomial regression), 포아송 회귀 분석(Poisson regression), ANOVA, 비모수적(nonparametric) ANOVA(Kruskal-Wallis & Dunn 검정), Welch의 ANOVA, 다요인(multifactor) ANOVA, alt-splicing ANOVA
기타	생존 분석(Kaplan-Meier & Cox 회귀 분석), 상관관계 분석, 바이오마커(biomarker) 계산, 기술 통계

Alt-splicing = alternative splicing(대체 스플라이싱), ANOVA = analysis of variance(분산 분석), GSA = gene-specific analysis(유전자 특이적 분석), LIMMA = linear models for microarray data(마이크로어레이 데이터에 대한 선형 모델), PCA = principal component analysis(주성분 분석), RPKM = reads per kilobase per million mapped reads(1M 개의 매핑된 리드당 1 kb별 리드의 수), SVD = singular value decomposition(특이값 분해), TF-IDF = term frequency-inverse document frequency(단어 빈도-역문서 빈도), TMM = trimmed mean of M-values(M-값의 절사 평균), t-SNE = t-distributed stochastic neighbor embedding(t-분포 확률적 이웃 임베딩), UMAP = uniform manifold approximation and projection(균일한 매니폴드 근사 및 투영)

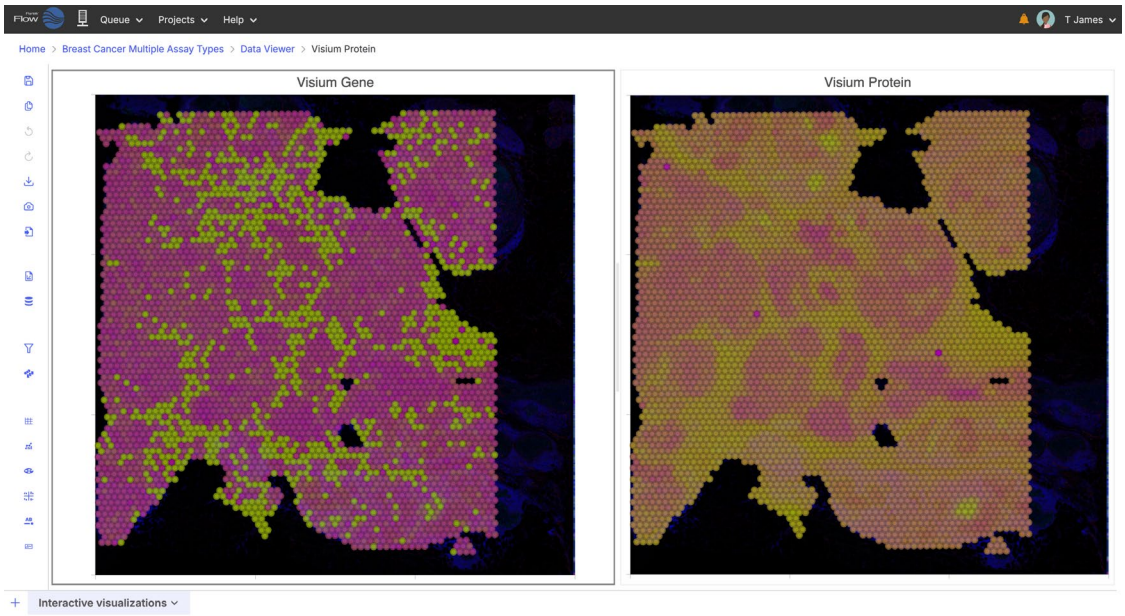
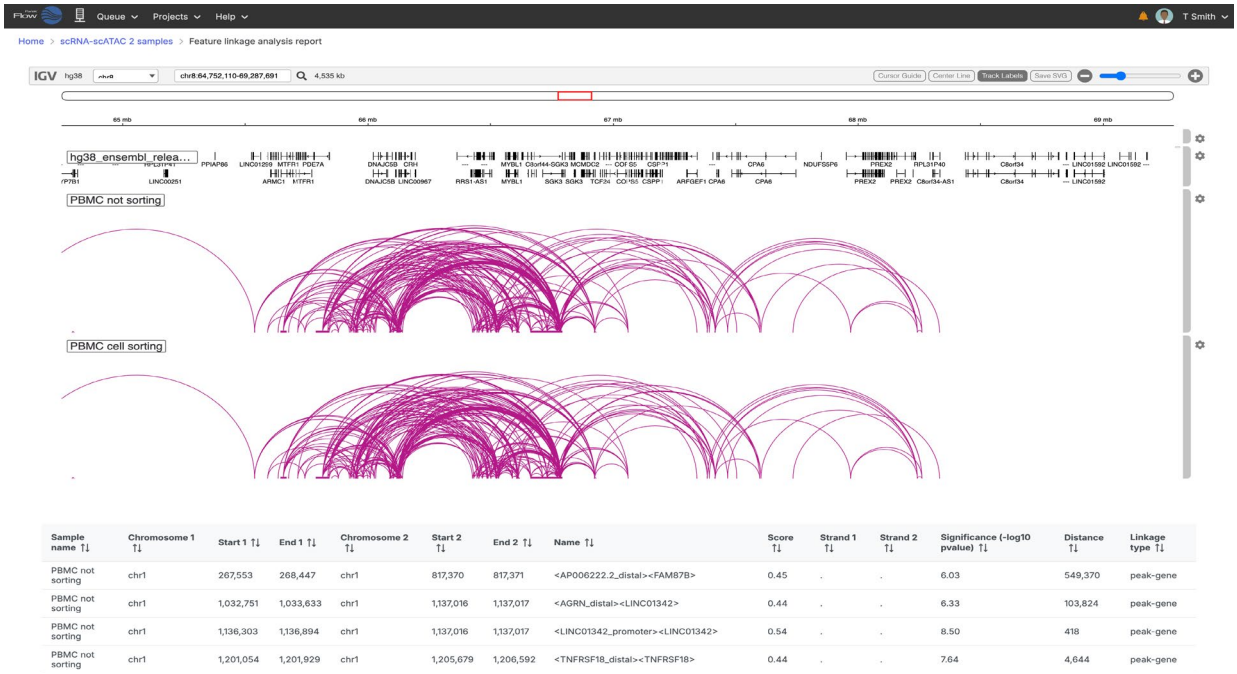


그림 3: 공간 전사체 분석을 위한 특징 발현 데이터와 조직학적 데이터의 결합 — Partek Flow Data Viewer가 생성한 샘플 데이터는 *BCL2* 유전자 발현(좌측)과 단백질 발현(우측)을 기준으로 공간 전사체 분석 데이터를 색상으로 구분해 보여줌

연구 전용입니다. 진단 절차에는 사용할 수 없습니다.



Sample name	Chromosome 1	Start 1	End 1	Chromosome 2	Start 2	End 2	Name	Score	Strand 1	Strand 2	Significance (-log10 pvalue)	Distance	Linkage type
PBMC not sorting	chr1	267,553	268,447	chr1	817,370	817,371	<AP006222.2_distal><FAM87B>	0.45	.	.	6.03	549,370	peak-gene
PBMC not sorting	chr1	1,032,751	1,033,633	chr1	1,137,016	1,137,017	<AGRN_distal><LINC01342>	0.44	.	.	6.33	103,824	peak-gene
PBMC not sorting	chr1	1,136,303	1,136,894	chr1	1,137,016	1,137,017	<LINC01342_promoter><LINC01342>	0.54	.	.	8.50	418	peak-gene
PBMC not sorting	chr1	1,201,054	1,201,929	chr1	1,205,679	1,206,592	<TNFRSF18_distal><TNFRSF18>	0.44	.	.	7.64	4,644	peak-gene

그림 4: 데이터의 여러 멀티오믹스 층을 동시에 연구 — Partek Flow 소프트웨어가 생성한 샘플 데이터는 유전자 발현 및 잠재적 조절 인자를 함께 연구할 수 있도록 단일세포 RNA-Seq 및 ATAC-Seq 데이터 세트의 특징 연계(feature linkage) 결과를 보여줌

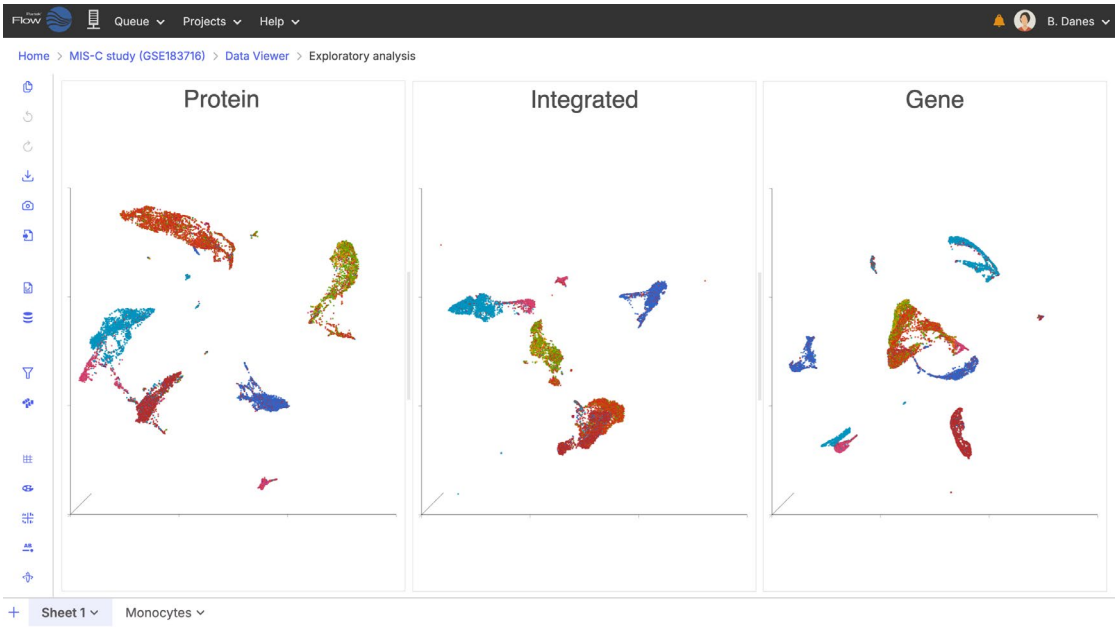


그림 5: 통합된 RNA-Seq 및 CITE-Seq 데이터를 통해 세포 기능에 대한 전체론적인 관점 확보 — 차원 축소를 위해 UMAP으로 생성한 샘플 데이터를 전사체 및 단백체 데이터를 동시에 프로파일링하는 데 활용하면 세포 상태에 대한 두 가지 관점을 얻을 수 있음. CITE-Seq = cellular indexing of transcriptomes and epitopes by sequencing

표 3: Partek Flow 소프트웨어가 지원하는 애플리케이션

연구용 애플리케이션	설명
DNA 시퀀싱	생식세포(Germline) 및 체세포(somatic) 변이 검출; 단일 염기 다형성(single nucleotide polymorphism, SNP), 삽입/결실(insertion/deletion, Indel) 및 유전자 복제수 변이(copy number variation, CNV) 검출; 변이 주석(annotation) 추가 및 분류(classification); 알려진 변이와 새로운 변이의 검출; 변이가 생물학적 기능에 미치는 영향 예측
RNA-Seq	차등 발현 유전자 및 대체 스플라이싱의 식별; 통합된 Genome Browser를 통한 동형(isoform) 발현 분석 결과의 시각화
ChIP-Seq/ATAC-Seq	유전자 조절 및 크로마틴 접근성(chromatin accessibility) 탐구; ChIP-Seq 또는 ATAC-Seq 결과와 RNA-Seq 데이터의 통합; 염색체와 함께 정렬된 리드(aligned read) 및 검출된 피크(peak) 영역의 시각화
메타유전체 분석	미생물 다양성(diversity)의 의미 있는 변화를 밝혀내기 위한 시퀀싱 리드의 정확한 분류학적 분류를 돕는 Kraken2 및 강력한 통계 도구가 제공하는 초고속 메타유전체 분류 기능 활용
마이크로어레이 분석	마이크로어레이 데이터 불러오기; 참조 유전체(reference genome)에 대한 정렬/전사체에 대한 정량; 강력한 다변량(multivariate) 통계 알고리즘을 이용한 결과 분석; NGS 데이터 세트와의 결과 비교; 분석 결과의 시각화
단일세포 및 공간 분석[a]	단일 세포의 자동 분류; 유전자 발현 데이터의 오버레이(overlay)를 통한 공간 관계의 시각화; 유전자/단백질 발현 패턴 파악을 위한 데이터 분석; 샘플 간 세포 군집 비교; 다양한 샘플의 동시 또는 독립적 분석 및 시각화; 공간적 맥락에서의 클러스터 연구
Partek Pathway[a]	경로 인리치먼트(Pathway enrichment) 계산; 파괴된 경로(disrupted pathway) 또는 영향력 있는 경로(influential pathway)의 검출; 특정 경로 및 유전자의 탐구; 유전자 관계의 시각화를 위한 p-값 및 배수 변화(fold-change)에 따른 유전자의 색상 구분

a. Partek Flow 소프트웨어의 애드온으로 별도 구매 가능

유연성과 확장성을 갖춘 워크플로우

Partek Flow 소프트웨어는 코어 랩과 큰 규모의 기관이 운영 효율성을 향상시키기 위해 필요한 고급 도구, 사용자 관리 컨트롤(user administration control), 유연한 확장 능력을 제공합니다. 랩에서는 맞춤화된 분석 파이프라인을 생성하여 가장 자주 실행하는 작업을 표준화 및 자동화한 후 데이터 전송 없이 손쉽게 공동 연구자와 워크플로우와 데이터를 공유할 수 있습니다. Partek Flow 소프트웨어는 하나의 중앙 집중식 위치(centralized location)에 설치가 가능하므로 랩에서는 사용자 액세스 관리, 감사 추적(audit trail) 검토, 필요시 작업 우선순위 재조정, 안전한 환경에서 REST API를 통한 자동 컨트롤 설정을 실행할 수 있습니다. 뿐만 아니라 Partek Flow 소프트웨어는 대용량의 유전체 데이터 세트를 저장, 관리 및 공동 분석할 수 있는 엔터프라이즈 도구를 제공합니다. Partek Flow 소프트웨어는 연구자가 클라우드, 클러스터 또는 서버 배포 중 어떤 옵션을 사용하든 계속해서 변화하는 요구 사항에 따라 워크플로우를 확장할 수 있는 탄력적인 컴퓨팅 리소스와 유연성을 제공합니다.

요약

Partek Flow 소프트웨어는 시각적 UI를 통해 NGS 데이터와 방대한 멀티오믹스 데이터의 간소화된 분석을 지원하는 사용이 용이한 바이오인포매틱스 플랫폼입니다. 이 소프트웨어는 DNA 시퀀싱, 벌크 RNA-Seq(bulk RNA-Seq), ChIP-Seq/ATAC-Seq, 단일세포 분석, 공간 전사체 분석, 경로 분석, 마이크로어레이 분석, 메타유전체 분석 등 다양한 애플리케이션을 지원합니다. 강건한 통계학적 알고리즘, 풍부한 정보를 제공하는 시각화 기능, 인터랙티브 인터페이스, 최첨단 유전체 분석 도구는 연구자가 고급 바이오인포매틱스 전문 지식 없이도 확신을 가지고 데이터를 분석할 수 있게 해 줍니다. 또한 Partek Flow 소프트웨어는 개별 연구자, 코어 랩, 규모가 큰 기관의 요구 사항을 모두 수용할 수 있는 유연한 설치 옵션 및 도구를 제공합니다.

상세 정보

Partek Flow 소프트웨어

멀티오믹스 분석 방법

연구 전용입니다. 진단 절차에는 사용할 수 없습니다.

주문 시 참고 사항

Illumina는 자격 요건을 충족하는 문의 건에 한해 14일 Partek Flow 소프트웨어 무료 체험판을 지원하여, 연구자가 공개적으로 이용 가능한 데이터를 사용하거나 개인적으로 보유 중인 데이터를 업로드하여 분석할 수 있는 기회를 제공합니다. 랩 에디션 또는 엔터프라이즈 에디션을 선택할 수 있습니다. 자세한 정보는 Illumina 영업 담당자에게 문의하시기 바랍니다.

무료 전화(한국) 080-234-5300
techsupport@illumina.com | www.illumina.com

© 2025 Illumina, Inc. All rights reserved.
모든 상표는 Illumina, Inc. 또는 각 소유주의 자산입니다.
특정 상표 정보는 www.illumina.com/company/legal.html을 참조하십시오.
M-GL-03002 v1.0 KOR