

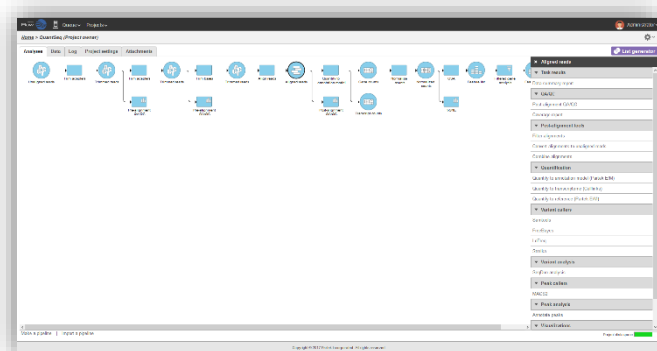


NGSデータ解析ソフトウェア

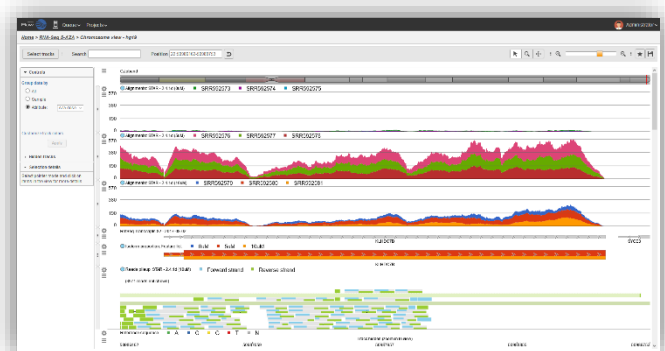
アラインメントから生物学的解釈まですべての解析をサポート
 コマンド入力なしにNGSのデータ解析を実行可能

- NGSデータを使った発現解析 (Single Cell RNA-seq、RNA-seq、miRNA-seq)、変異解析 (DNA-seq)、エピゲノム解析 (ChIP-seq)、メタゲノム解析 (Metagenomics) に対応
- データを選択するとデータの種類 (FASTQ ファイル、BAM ファイル、遺伝子ごとのリード数、変異のコール、転写因子結合部位のピークなど) に対応した解析メニューを表示
- プルダウンメニューやラジオボタンなどでパラメーターを設定できるので、コマンド入力なしにマウス操作で様々なオープンソースの解析ソフトウェア (マッピング、発現解析、変異検出、ピーク検出、タクソノミーラベリングなど) を利用可能
- パイプライン機能によりパラメーター設定の調節や解析内容の再利用が可能 (Partek 社が解析内容をデザインした解析パイプラインを多数提供)
- プロジェクト単位で解析内容やデータを共有できるユーザーを指定可能 (解析可能なユーザーと閲覧のみのユーザーの2種類から選択)
- 指名ユーザーまたは同時使用ユーザーの2種類のライセンスを選択可能 (同時使用ユーザーではユーザーディスク割り当てやタスク優先度変更などのエンタープライズ機能を利用可能)
- 無償アップデートで最新のプログラムやアノテーション情報を常に利用可能
- サーバーは Linux に対応 (64bit アプリケーション)
- クラスタマシンに対応しているので複数のマシンに解析を分散可能
- クラウドサービスに対応しているのでデータ量に応じて解析能力を調節可能
- クライアントマシンは Windows/macOS/Linux のいずれも利用可能

パイプライン



ゲノムビューアー



Partek 社の NGS データ解析ソリューション

Partek 社の NGS データ解析ソリューションは次世代シーケンサーから出力されたファイルを読み込んで、参照ゲノム配列へのアラインメント、データの品質管理、統計解析、ゲノム統合解析、生物学的解釈、各種グラフやゲノムビューアーでの表示など NGS のデータ解析をすべてサポートします。



ファイルの読み込み	●(注 1)	●	—
アラインメント	●	—	—
Q A / Q C	●	—	—
統計解析	●(注 2)	●	—
ゲノム統合解析	—	●	—
生物学的解釈	●	●	●
データ可視化	●	●	●

(注 1) Flow の入力ファイル形式：FASTQ / FASTA / FQ / FA / FNA / QUAL / SRA / BCL / SFF /

CSFASTQ / CSFASTA / BAM / SAM / BCF / VCF / IDAT / BGX / BPM /

PROBE_TAB / CEL / RAW / TXT / CSV / TSV / MTX / GZ / TAR / ZIP

(注 2) Flow の対応アプリケーション：Single Cell RNA-seq / RNA-seq / DNA-seq / ChIP-seq / Metagenomics

次世代シーケンサーの対応状況

Partek Flow は主要なメーカーの次世代シーケンサーのプラットフォームに対応しています。本欄に掲載されていないメーカーや機種についてはお問い合わせ下さい。また、主要なメーカーのマイクロアレイのプラットフォームにも対応しているので、NGS とマイクロアレイの結果を並べて表示できます。

● 次世代シーケンサー

- ✓ サーマフィッシャーサイエンティフィック：Ion S5 / Ion Proton / Ion PGM / SOLiD
- ✓ イルミナ：HiSeq / NextSeq / MiSeq / MiniSeq / iSeq / NovaSeq

● マイクロアレイ

- ✓ サーマフィッシャーサイエンティフィック：GeneChip (旧アフィメトリクス製品)
- ✓ イルミナ：ビーズアレイ

Partek Flow の特長

➤ NGSの多様な解析アプリケーションに対応

次世代シーケンサーの発現解析（Single Cell RNA-seq、RNA-seq、miRNA-seq）、変異解析（DNA-seq）、エピゲノム解析（ChIP-seq）、メタゲノム解析（Metagenomics）のデータ解析ができるソフトウェアです。参照ゲノム配列へのアラインメントから解析結果の生物学的解釈まですべての解析に対応しています。

➤ データを選択するとデータの種類に対応した解析メニューを表示

FASTQ ファイル、BAM ファイル、遺伝子ごとのリード数、変異のコール、転写因子結合部位のピークなど選択したデータの種類に応じた解析メニューが表示されます。解析メニューを選択すると、プルダウンメニューやラジオボタンなどでパラメーターを選択できます。コマンド入力なしにマウス操作でマッピングツールや変異検出プログラムなど様々なオープンソースの解析ソフトウェアを実行できます。

➤ パラメーターの検討や解析内容の再利用ができるパイプライン機能

データノードと解析ノードを組み合わせて解析内容をパイプラインとしてデザインできます。パラメーターを変更した同じ解析ノードをレイヤーとして重ねて表示できるので、パラメーターの検討が容易になります。完成したパイプラインは解析メニューとして保存できるので、別のデータにパイプラインの解析内容をまとめて実行できます。Partek 社のウェブサイトでは数多くのパイプラインを公開しています。

➤ プロジェクト管理機能

サンプルや解析内容はプロジェクト単位でサーバー上に保存されます。プロジェクトを作成したユーザーはプロジェクトを解析可能なユーザーや閲覧可能なユーザーを指定できるので、適切なアクセス制御をしながらプロジェクトを共有できます。サーバーにデータが保存されるため、ユーザー個人のパソコンにデータを重複して保存する必要がありません。

➤ どこからでもアクセス可能

ウェブブラウザを使ってサーバーにアクセスするため、ユーザーはサーバーと同じ LAN に接続されたどのパソコンからでも利用できます。Windows/macOS/Linux のいずれの OS のパソコンでも利用できます。スマートフォンやタブレットのウェブブラウザからも閲覧できます。

➤ クラスターマシンやクラウドサービスでスケーラブルな解析パワー

解析速度はサーバーに搭載された CPU コアの数やメモリー容量などに依存します。クラスターマシンに対応しているので、タスクを各ノードに振り分けることで処理を高速化できます。アマゾンウェブサービスのようなクラウドサービスに対応しているので、解析するデータ量に応じてサーバーのリソースを増減させることができます。サーバーを用意することが難しい場合、Partek 社が提供するホスティングサーバー（有料オプション）を利用することもできます。

➤ きめ細かな管理機能

管理者は利用可能なプログラムやパイプライン、保存したパラメーターセットやフィルター条件、アノテーション情報などのライブラリーファイルを管理できます。また、ユーザー、グループ、ロール、閲覧可能なディレクトリーを設定できます。

解析メニュー一覧

➤ 未アライメントのリード (FASTQ)

品質管理

アラインメント前 QA/QC

ERCC

コンタミネーションの除去

アライメント前処理

塩基の除去

アダプターの除去

部分抽出

メタゲノミクス

Kraken

アラインメント

Bowtie

Bowtie 2

BWA

GSNAP

Isaac 2

STAR

TMAP

TopHat

TopHat 2

SHRiMP 2

絞り込み

サンプルの絞り込み

➤ アライメント済のリード (BAM)

品質管理

アライメント後 QA/QC

カバレッジレポート

アラインメント後処理

アラインメントの絞り込み

アラインメント前のリードへの変換

リードのアラインメント先をトランスクリプトームからゲノムへ変換

アライメント後のリードの結合

UMI の重複除去

遺伝子の定量

Partek E/M によるアノテーションモデルに対する定量

※ゲノムにアライメントした場合

Partek E/M による参照配列に対する定量

※トランスクリプトームにアライメントした場合

Cufflinks による定量

絞り込み

サンプルの絞り込み

変異検出

Samtools

FreeBayes

LoFreq

Strelka

GATK Haplotype caller

GATK Mutect2

変異解析

融合遺伝子の検出

SeqDuo 解析

コピー数解析

CNVkit

ピーク検出

MACS2

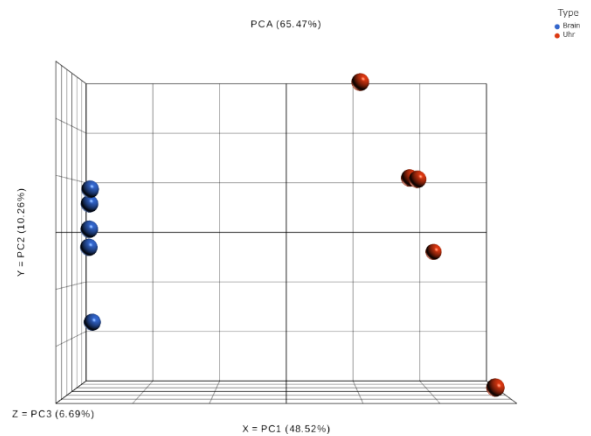
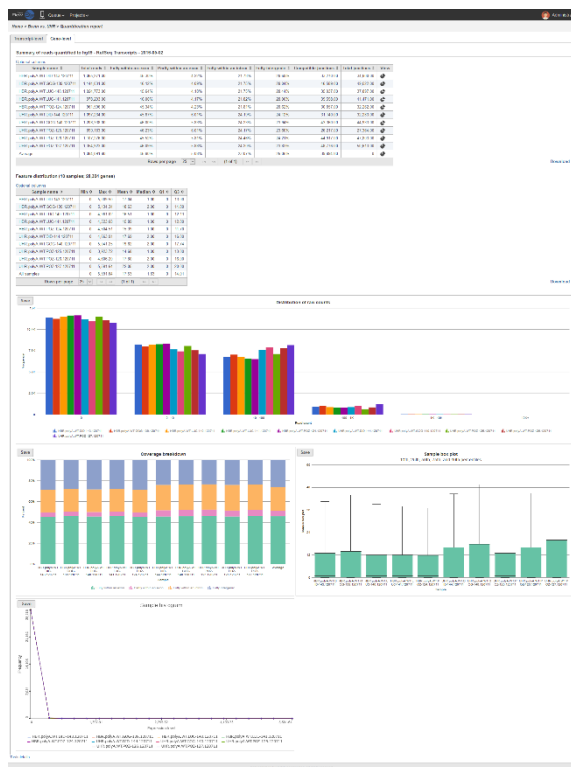
ピーク解析

ピークのアノテーション

可視化

染色体ビューアー





➤ 遺伝子リスト

品質管理

遺伝子／転写産物の分布

予備解析

Graph-based クラスタリング

主成分分析

t-SNE

階層型クラスタリング

生物学的解釈

遺伝子セットエンリッチメント解析

パスウェイエンリッチメント解析

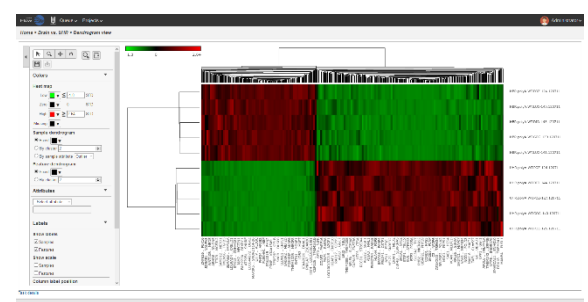
可視化

染色体ビューアー

サンプル相関

ドットプロット

ボルケノプロット



➤ 遺伝子／転写産物のカウント

品質管理

遺伝子／転写産物の分布

絞り込み

遺伝子／転写産物の絞り込み

実験群の絞り込み

正規化

正規化

発現解析

GSA

ANOVA

選択的スプライシングの検出

DESeq2

ノンパラメトリック ANOVA

パスウェイ解析

予備解析

K-means クラスタリング

Graph-based クラスタリング

クラスター比較

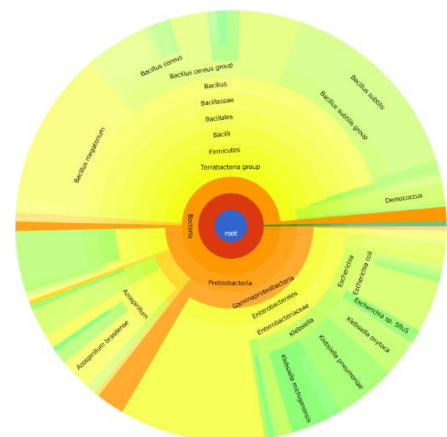
階層型クラスタリング

主成分分析

t-SNE

予備解析

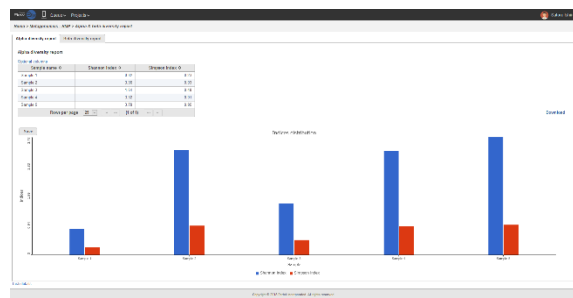
サンプル相関



➤ 分類されたリード配列

メタゲノミクス

Alpha & Beta diversity



➤ シングルセルデータ

品質管理

遺伝子の分布

シングルセル QA/QC

解析前処理

細胞のアノテーション

アノテーションレポート

分類の読み込み

絞り込み

遺伝子／転写産物の絞り込み

細胞の絞り込み

正規化

正規化

発現量の補正

発現解析

GSA

ANOVA

ノンパラメトリック ANOVA

パスウェイ解析

予備解析

K-means クラスタリング

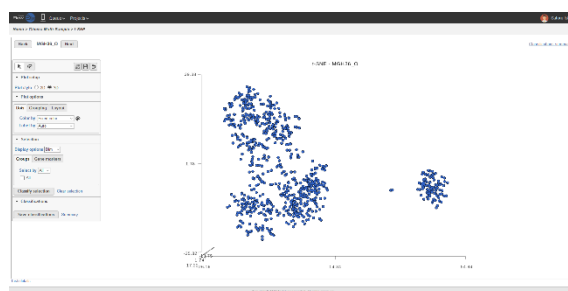
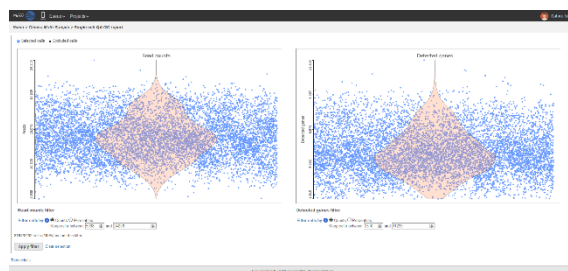
Graph-based クラスタリング

クラスター比較

階層型クラスタリング

主成分分析

t-SNE



➤ マイクロアレイデータ

アラインメント済のリードへ変換

Bowtie

Bowtie 2

BWA

GSNAP

Isaac 2

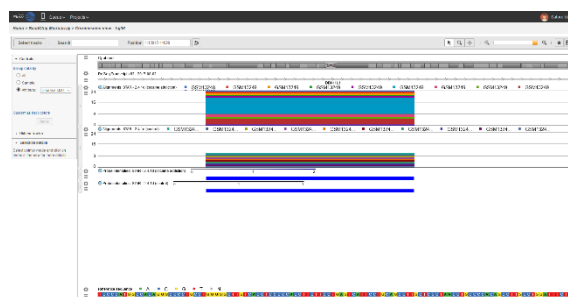
STAR

TMAP

TopHat

TopHat 2

SHRiMP 2



共通機能

プロジェクト

インポート／エクスポート機能

データ読み込み（サーバー／クライアント／インターネット／別プロジェクト）

実験条件の管理（システム共通／プロジェクト固有）

タスクログ機能

データ書出し（データ／テーブル／グラフ）

コラボレーション機能（解析可／閲覧可）

ノートブック機能

ファイル添付

プロジェクト優先度設定

パイプラインのインポート／エクスポート

Dolomite Bio Drop-Seq pipeline
This pipeline is suitable for analyzing Drop-Seq data from single-cells that have been processed on a Dolomite Bio NADIA instrument. Starting with paired scRNA-Seq fastq files, the UMI & cell barcodes are trimmed and the reads are aligned to a reference genome. The UMIs are deduplicated and high-quality cell barcodes are filtered. Following quantification against an annotation model, a single-cell QATC task is performed leaving the data ready for downstream single-cell analysis. Furthermore, the upstream tasks are supplemented with Pre- and Post-alignment QATC reports and a coverage report.

Lexogen QuantSeq Pipeline
This pipeline works with unaligned reads generated by the Lexogen QuantSeq library prep kit. It performs adapter trimming and quality trimming, aligns data to a reference genome, and quantifies with a transcriptome model. This pipeline works with Partek Flow 6.0.17.0903 and later.

Exome Variant Detection
Aligns DNA-Seq to a reference genome using the BWA aligner. Aligned reads are processed and variant calling is performed using FreeBayes. Called variants are annotated using a transcript model and known variant database.

ChIP-Seq pipeline
Aligns ChIP-seq reads to a reference genome using BWA aligner, filters out duplicates and detects enriched regions.

AmpliSeq Transcriptome 21k
Pipeline for Ion AmpliSeq™ Transcriptome Human Gene Expression Research Panel for quantification, normalization and differential gene expression. This pipeline works with aligned

ユーザー／グループ

ユーザー管理

ユーザープロフィール

ユーザーディスク割り当て

グループ管理（グループごとライセンス）

役割管理

ディレクトリーアクセス制御

システム／セキュリティ

ファイルシステム／ストレージ

ジョブ処理設定

パスワード管理

プロキシサーバー

HTTPS の利用

メール設定

LDAP の利用

アクセスコントロールログ

ログイン失敗のロック

使用レポート

解析

リスト機能（ベン図）

フィルター管理

ライブラリー管理（自動ダウンロード）

パラメーター設定管理

タスク管理

パイプライン管理

リスト管理

システムリソースモニター

タスクキューリスト

Genomics to VCF file
Workflow configuration page showing tasks and their parameters.

System Monitor
Dashboard showing system metrics and active tasks.

パスウェイ解析機能

➤ RNA-seq / Single Cell RNA-seq の生物学的解釈を行うパスウェイ解析機能

発現変動遺伝子リストに含まれる遺伝子群が有意に濃縮されているパスウェイを抽出するパスウェイエンリッチメント解析機能を搭載しています。エンリッチメントスコアが高い順にパスウェイが表示されるため、生物学的に意味があるパスウェイを推定できます。

パスウェイごとに遺伝子の発現量を比較するパスウェイ ANOVA 機能を搭載しています。パスウェイに含まれる遺伝子全体が協調して発現が上昇あるいは低下している場合やパスウェイに含まれる遺伝子の一部が逆向きに発現変動していてパスウェイ全体では有意差が見られない場合などを区別して検出できます。

➤ 定評があるパスウェイ情報

パスウェイ情報は KEGG パスウェイを採用しています。パスウェイ情報は最新のデータを自動的にダウンロードできます。ヒト／マウス／ラットなど多くの生物種に対応しています。

※Partek 社は KEGG の正規ビジネスプロバイダーです。



➤ 分かりやすいマップ表示

パスウェイは KEGG のウェブサイト (<http://www.kegg.jp/>) と同じマップ表示が可能です。パスウェイマップでは遺伝子を解析結果 (p 値/FDR/fold change/Ratio) で色分けして表示できるため、パスウェイの状態を直感的に理解できます。パスウェイマップは画像ファイルとして保存、あるいはプロジェクトのノートとして保存できます。

製品区分

RNA-seq :	RNA-seq のデータ解析ができます。
DNA-seq :	DNA-seq のデータ解析ができます。
Single Cell RNA-seq :	Single Cell RNA-seq のデータ解析ができます。 RNA-seq のデータ解析ができます。
全モジュール :	RNA-seq のデータ解析ができます。 DNA-seq のデータ解析ができます。 Single Cell RNA-seq のデータ解析ができます。 ChIP-seq のデータ解析ができます。 Metagenomics のデータ解析ができます。 パスウェイ解析ができます。 ※マイクロアレイのデータを変換して解析できます。
ホスティングサービス (オプション) :	Partek 社が管理するクラウドサーバー ^(注) に構築された Partek Flow を利用できます。 (注) 12 コア、256 GB メモリー、1 TB ディスク

ライセンス形態

- 指名ユーザーライセンス

- ✓ 年間ライセンスです。
- ✓ ライセンス期間は1年／2年／3年などから選択できます。
- ✓ ご購入時にご登録いただいたサーバー^(注)でのみ利用できます。
- ✓ 最大50コアまでのライセンスです。50コア超のサーバーの場合はお問い合わせ下さい。
- ✓ 登録するユーザー1人につき1ライセンスが必要です。
- ✓ 登録したユーザーは同時にログイン可能です。
- ✓ 接続するクライアントはサーバーと同一敷地の同一ネットワーク内のマシンが利用できます。
- ✓ 製品区分（RNA-seq／DNA-seq／Single RNA-seq／全モジュール）でライセンス価格が異なります。

- 同時使用ライセンス

- ✓ 年間ライセンスです。
- ✓ ライセンス期間は1年／2年／3年などから選択できます。
- ✓ ご購入時にご登録いただいたサーバー^(注)でのみ利用できます。
- ✓ 最大50コアまでのライセンスです。50コア超のサーバーの場合はお問い合わせ下さい。
- ✓ 登録するユーザー数に制限はありません。
- ✓ 同時に使用するユーザー1人につき1ライセンスが必要です。
- ✓ 接続するクライアントはサーバーと同一敷地の同一ネットワーク内のマシンが利用できます。
- ✓ 製品区分（RNA-seq／DNA-seq／Single RNA-seq／全モジュール）でライセンス価格が異なります。
- ✓ エンタープライズ機能を利用できます。
 - ◇ ユーザーディスク割り当て、グループごとライセンス、使用レポート、コマンド変換、タスク優先度変更、ユーザー定義タスク、API、役割管理

(注) ライセンス期間中はサーバーの変更が可能です。

- ホスティングサービス（オプション）

- ✓ 年間ライセンスです。
- ✓ ライセンス期間は1年／2年／3年などから選択できます。
- ✓ 指名ユーザーライセンスまたは同時使用ユーザーライセンスが必要です。
- ✓ 既定のスペック（12コア、256GBメモリー、1TBディスク）で不足する場合はお問い合わせ下さい。
- ✓ ホスティングサービスをご利用になる場合は次の条件は適用されません。
 - ◇ 接続するクライアントはサーバーと同一敷地の同一ネットワーク内のマシンが利用できます。

動作環境

＜サーバー＞

OS：	Ubuntu 12.04 以降、Red Hat 6／CentOS 6 以降 (64bit)
CPU ^(注) ：	Intel Core i5 / i7 (2 GHz 以上、4 コア以上を推奨)
メモリー ^(注) ：	48 GB 以上
ディスク：	1 TB 以上 (SSD を推奨)
その他 (推奨)：	高速インターネット接続環境

(注) 解析対象のゲノムサイズやサンプルのリード数に応じて必要なスペックは異なります。

(注) STAR や TopHat など一部のアラインメントプログラムはさらに多くのスペックが必要となります。

＜クラスターまたはクラウド＞

クラスターマシンまたはクラウドサービスの動作環境はお問い合わせ下さい。

＜クライアント＞

ウェブブラウザ ^(注) ：	Google Chrome、Mozilla Firefox、Microsoft Edge、Apple Safari
その他 (推奨)：	サーバーとの高速なネットワーク接続 1280 × 1024 ピクセル以上のモニター

(注) Windows／macOS／Linux のいずれの OS にも対応しています。タブレットやスマートフォンのウェブブラウザからも閲覧できます。

無償トライアル

Partek Flow を含む Partek 社製品は無償で評価できます。

- ✓ トライアル期間は 4 週間です。
- ✓ ユーザー情報とマシン情報の登録およびトライアル契約書へのご署名が必要です。
- ✓ ご要望に応じてウェブ会議または訪問によりソフトウェアの機能紹介とデモを承ります。
- ✓ トライアルをご希望の場合は、モルシスのウェブサイトよりお申し込み下さい。

製品紹介セミナー

Partek 社製品の概要や特長、解析アプリケーションごとのワークフローについて紹介するセミナーを定期的で開催しています。開催日程やセミナー内容はモルシスのウェブサイトをご覧ください。製品紹介セミナーに参加をご希望の場合は、モルシスのウェブサイトよりお申し込み下さい。

ウェビナー

Partek 社では不定期に Partek 社製品の機能や活用例を紹介するウェビナーを開催しています。直近では次のようなウェビナーが開催されました。ウェビナー開催後に録画が公開されますので、ご興味がある内容がございましたら Partek 社のウェブサイト (<http://www.partek.com/webinars>) をご覧下さい。

- Single Cell Analysis: Using Partek Flow to Seamlessly Analyze Nadia Data
- Single Cell Analysis: Assessing the Effects of Cancer Immunotherapy Treatment with Partek Flow
- Single Cell Analysis with Partek Flow: Identifying Group Biomarkers
- Single Cell Analysis with Partek Flow: Visualizing Pathways in Single Cell RNA-seq Data
- Single Cell Analysis with Partek Flow: Differential Gene Expression
- Single Cell Analysis with Partek Flow: Identifying Cell Populations
- How to Analyze Lexogen QuantSeq Data with Partek Flow
- How to Analyze Cell-Free DNA Sequencing Data from Cancer Patients to Identify Clinically Actionable Variants
- Unique somatic and malignant expression patterns implicate PIWI-interacting RNAs in cancer-type specific biology
- How to Analyze RNA-Seq Data From a Recently Sequenced Non-model Species of Water Bear Using Partek Flow

- 詳細につきましては、お問い合わせください。
- 記載の商品名は各社の商標または登録商標です。
- 本カタログの記載内容は予告なく変更される場合があります。

(2018/8)



Partek 社日本代理店

株式会社モルシス

<https://www.molsis.co.jp/>

〒104-0032 東京都中央区八丁堀三丁目 19 番 9 号 ジオ八丁堀

TEL : 03-3553-8030 FAX : 03-3553-8031 E-mail : sales@molsis.co.jp