

# Partek Genomics Suite

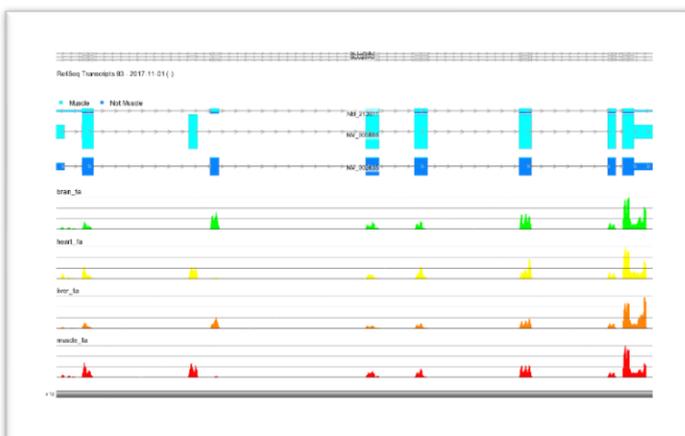


## NGS/マイクロアレイデータ解析ソフトウェア

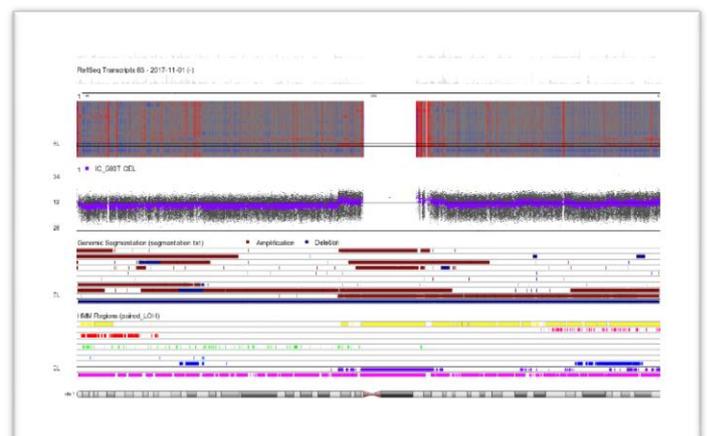
次世代シーケンサーとマイクロアレイの両方の解析が可能  
 ウェットの研究者もワークフローに沿った簡単な操作で解析が可能

- NGSデータを使った発現解析 (RNA-seq、miRNA-seq)、エピゲノム解析 (ChIP-seq、MeDIP-seq)、変異解析 (DNA-seq) に対応
- マイクロアレイデータを使った発現解析 (遺伝子発現、選択的スプライシング、miRNA)、染色体構造解析 (コピー数、アレル別コピー数、LOH)、エピゲノム解析 (ChIP on chip、BeadArray メチル化、タイリング)、SNP 解析 (Association、Trio) に対応
- NGSとマイクロアレイあるいはゲノム/トランスクリプトーム/エピゲノムのデータ同士を比較・統合して関連性や相関性を見出すゲノム統合解析に対応
- データの読み込み、データの品質確認、統計解析、アノテーション情報の追加、結果のグラフ表示、生物学的解釈のすべてに対応する統合解析環境
- アプリケーションごとにユーザーの操作をナビゲーションするデータ解析ワークフロー
- NGSおよびマイクロアレイの生データ、解析結果、各種アノテーション情報、参照ゲノム配列をゲノムビューアー上に並べて表示
- 各種公共データベースやマイクロアレイベンダーのアノテーション情報を自動ダウンロード
- マルチコア対応と効率的なメモリー管理機能により大容量データも高速に解析
- Windows/macOS/Linux に対応 (64bit アプリケーション)
- Partek 社の他のデータ解析ソフトウェア (Partek Flow、Partek Pathway) とシームレスな連携

NGS  
(RNA-seq)



マイクロアレイ  
(コピー数と LOH)



# 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	●	—	—
QA/QC	●	—	—
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) Genomics Suite の入力ファイル形式：BAM / SAM

(注 2) Genomics Suite の対応アプリケーション：RNA-seq / miRNA-seq / ChIP-seq / MeDIP-seq / DNA-seq

# Partek 社のマイクロアレイデータ解析ソリューション

Partek 社のマイクロアレイデータ解析ソリューションはアレイスキャナーから出力されたファイルを読み込んで、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マイクロアレイ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	●	—
QA/QC	●	—
統計解析	●(注 3)	—
ゲノム統合解析	●	—
生物学的解釈	●	●
データ可視化	●	●

(注 3) Genomics Suite の対応アプリケーション：Gene Expression / Exon / Copy Number / LOH / Allele Specific Copy Number / Association / Trio / ChIP on chip / Tiling / BeadArray Methylation / miRNA Expression

# Partek Genomics Suite の特長

## ➤ 次世代シーケンサーとマイクロアレイの両方のデータ解析に対応

日進月歩で進化している次世代シーケンサーのデータも全ゲノム解析として定評のあるマイクロアレイのデータもどちらの解析もできるソフトウェアです。新たに取得した次世代シーケンサーのデータと過去に蓄積されたマイクロアレイのデータを一緒に解析できます。

## ➤ ゲノム／トランスクリプトーム／エピゲノムのさまざまな解析に対応した解析アルゴリズム

遺伝子発現解析、miRNA 解析、ChIP (クロマチン免疫沈降法) 解析、メチル化解析、染色体構造解析、ゲノムリシーケンス解析などの数多くのアプリケーションに最適な解析アルゴリズムを搭載しています。幅広い研究目的にご利用いただけます。

## ➤ 自由度が高く強力な遺伝子発現解析

発現アレイや RNA-seq による遺伝子発現解析では定評があります。多次元の混合モデル分散分析 (multi-way mixed model ANOVA) に対応しているため、カテゴリーや連続値の実験条件をいくつでも設定できます。ANOVA の解析結果から p 値や Fold Change を使って簡単に発現変動遺伝子リストの絞り込みができます。

## ➤ 複数のアプリケーションの解析データの相関や関連をみるゲノム統合解析

異なるアプリケーションから得られた結果同士を関連付けることでゲノム／トランスクリプトーム／エピゲノムの相関関係を見出すことができます。このような解析から個々のアプリケーションでは見出せなかった生物学的解釈を得ることができます。

## ➤ 解析手順をナビゲーションする解析ワークフロー

ウェットの研究者でも簡単にデータ解析が行えるようにアプリケーション別に標準的な解析手順を示したワークフローを用意しています。データの読み込みから品質管理、統計解析、結果の表示、生物学的解釈まで必要な操作をワークフローの手順に従って順を追って実行できます。

## ➤ データ解析に必要な解析機能／アノテーション機能／解析結果の表示機能を一体化

読み込んだデータと解析結果、各種アノテーション情報、参照ゲノム配列を一画面に表示できるゲノムビューアーを搭載しているため、解析結果を詳細に分かりやすく表現できます。解析に使用する各種アノテーション情報は自動的にダウンロードでき、常に最新情報になるようにバージョン管理もしています。

## ➤ 快適な動作速度

マルチコア対応と効率的なメモリー管理により大容量のデータを解析する場合もワークステーションやノートパソコン一台ですべての解析を実行できます。コスト的にも管理的にも負荷が大きいサーバーは必要ありません。

## ➤ Partek Flow および Partek Pathway とのシームレスな連携

次世代シーケンサーのデータ解析に特化した Partek Flow の解析結果を読み込んでマイクロアレイの解析結果と統合解析できます。解析ワークフローからパスウェイ解析を行う Partek Pathway の解析機能をシームレスに利用できるため注目する遺伝子リストの生物学的解釈ができます。

# 次世代シーケンサーデータ解析アプリケーション一覧

## ➤ 遺伝子発現解析 (RNA-seq)

既知遺伝子の発現量の定量と正規化

(gene / transcript / exon)

ANOVA による既知遺伝子の発現量比較

(gene / transcript / exon)

ANOVA による既知遺伝子の選択的スプライシングの検出 (transcript / exon)

多重検定補正や統計値 (p 値や Fold Change など) を用いた遺伝子の絞り込み

サンプル間で異なる SNV の検出

参照ゲノム配列と比較した SNV の検出

未知の転写物ピークの検出

階層型クラスタリング

自己組織化マップ (SOM)

遺伝子オントロジー解析

Gene Set ANOVA

## ➤ ゲノムリシーケンス解析 (DNA-seq)

サンプル間で異なる SNV の検出

参照ゲノム配列と異なる SNV の検出

さまざまな条件での SNV の絞り込み

複数のサンプルで共通する SNV の絞り込み

既知の SNP データベースとの比較

遺伝子の機能的な影響での分類

二者間で異なる遺伝子型の検出 (SeqDuo)

親子間で異なる遺伝子型の検出 (SeqTrio)



## ➤ miRNA 発現解析 (miRNA-seq)

既知 miRNA の発現量の定量と正規化

ANOVA による既知 miRNA の発現量比較

多重検定補正や統計値 (p 値や Fold Change など) を用いた miRNA の絞り込み

階層型クラスタリング

自己組織化マップ (SOM)

サンプル間で異なる SNV の検出

参照ゲノム配列と比較した SNV の検出

遺伝子オントロジー解析

## ➤ 転写因子結合部位解析 (ChIP-seq)

フラグメント長の予測

転写因子の結合部位の検出

統計値を用いた結合部位の絞り込み

de novo モチーフの探索

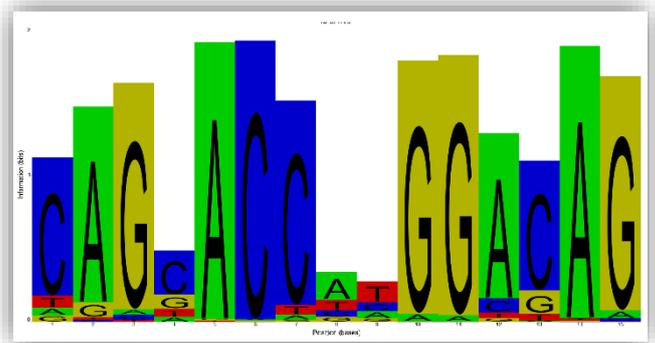
既知モチーフの検出

転写因子の標的遺伝子の同定

結合領域のカテゴリー分け

転写開始点からの距離の算出

遺伝子オントロジー解析



## ➤ メチル化解析 (MeDIP-seq)

メチル化領域の検出

統計値を用いたメチル化領域の絞り込み

メチル化領域の近傍遺伝子の同定

メチル化領域のカテゴリー分け

ヒルベルト曲線

サンプル同士のメチル化領域の比較

転写開始点からの距離の算出

遺伝子オントロジー解析

# マイクロアレイデータ解析アプリケーション一覧

## ➤ 遺伝子発現解析

ANOVA による発現量の比較

Source of Variation

多重検定補正や統計値 (p 値や Fold Change など) を用いた遺伝子の絞り込み

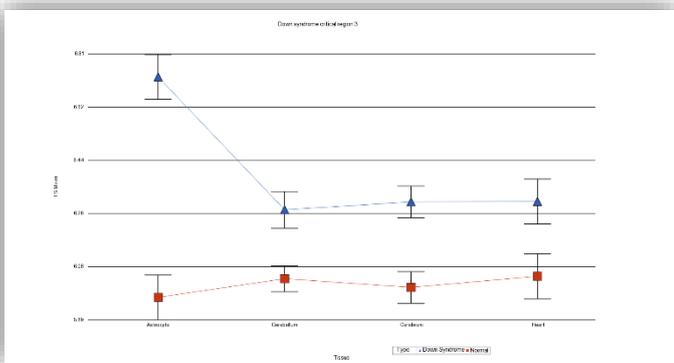
階層型クラスタリング

自己組織化マップ (SOM)

検出力分析

遺伝子オントロジー解析

Gene Set ANOVA



## ➤ Exon レベル発現解析

ANOVA によるエクソンの発現量の比較

選択的スプライシングの検出

発現量の異なるエクソンの抽出

エクソンを遺伝子ごとに集約

ANOVA による遺伝子レベルの発現量の比較

## ➤ ゲノムコピー数解析

ゲノムコピー数の推算

(Paired 解析 / Unpaired 解析)

アレル別コピー数 (ASCN) の算出

コピー数異常領域の検出

CNV に基づいたサンプルのクラスタリング

共通コピー数異常領域の抽出

CNV 領域に存在する遺伝子の抽出

既知の CNV 領域との比較

アレル不均衡の検出

CNV 領域とアレル不均衡の重ね合わせ

Unpaired 解析用リファレンスデータの作成

## ➤ 関連解析 / トリオ解析

$\chi^2$  検定 (アレル / 遺伝子型 / 優性 / 劣性)

連鎖不平衡解析

ハーディー・ワインバーグ平衡

二者間で異なる遺伝子型の検出 (SNPDuo)

親子間で異なる遺伝子型の検出 (SNPTrio)

## ➤ ヘテロ接合性の消失 (LOH) 解析

ヘテロ接合性の消失 (LOH) 領域の検出  
(Paired 解析 / Unpaired 解析)

グループ間で共通している LOH 領域の抽出

LOH 領域と CNV 領域の重ね合わせ

LOH 領域に存在する遺伝子の抽出

Unpaired 解析用リファレンスデータの作成

## ➤ ChIP on chip 解析 / タイリングアレイ解析

サンプル間でシグナル値の異なる領域の検出

転写因子の結合部位の検出

de novo モチーフの探索

既知モチーフの検出

転写因子の標的遺伝子の同定

転写開始点からの距離の算出

## ➤ BeadArray メチル化解析

メチル化状態が変化した CpG サイトの検出

CpG アイランドや近傍の SNP での CpG サイトの絞り込み

CpG サイトと重複する遺伝子の抽出

階層型クラスタリング

遺伝子オントロジー解析

## ➤ miRNA 発現解析

ANOVA による発現量の比較

多重検定補正や統計値 (p 値や Fold Change など) を用いた miRNA の絞り込み

階層型クラスタリング

自己組織化マップ (SOM)

遺伝子オントロジー解析

# 統合解析アプリケーション一覧

## ➤ 遺伝子発現解析—miRNA 発現解析

miRNA と標的遺伝子の発現量の比較

発現量に差のある遺伝子を標的とする miRNA の探索

miRNA と標的遺伝子の発現量の相関解析

## ➤ 遺伝子発現解析—エピゲノム解析

転写因子結合部位の近傍の遺伝子の探索と転写開始点からの距離の算出

メチル化領域の近傍の遺伝子の探索と転写開始点からの距離の算出

## ➤ 遺伝子発現解析—ゲノムコピー数解析

CNV 領域の近傍に存在する遺伝子の抽出

CNV 領域の近傍に存在するエクソンの抽出

コピー数と遺伝子の発現量が相関関係にある CNV 領域の抽出

コピー数とエクソンの発現量が相関関係にある CNV 領域の抽出

Copy Number ANOVA

## ➤ 遺伝子発現解析—SNP 解析

遺伝子の発現量と SNP が相関関係にある遺伝子の検出

## 共通解析機能

### ➤ 入力機能

- ✓ マイクロアレイ (アフィメトリクス/イルミナ/アジレント)
- ✓ 次世代シーケンサー (イルミナ/サーモフィッシャー)
- ✓ テキストファイル
- ✓ BCF ファイル/VCF ファイル
- ✓ NCBI GEO ファイル

### ➤ QA/QC機能

- ✓ 主成分分析
- ✓ シグナル強度の箱ひげ図/ヒストグラム
- ✓ スキャッタープロット/MA プロット
- ✓ ノーコール/ヘテロコールの比率
- ✓ ハーディー・ワインバーク平衡

### ➤ 前処理機能/正規化機能

- ✓ RMA/GCRMA/LOESS
- ✓ 補正/正規化/ランク付け/絞り込み
- ✓ 平滑化/Genomic Smoothing

### ➤ 統計解析機能

- ✓ パラメトリック検定
- ✓ ノンパラメトリック検定
- ✓ 分散分析
- ✓ バッチ補正
- ✓ 生存分析
- ✓ 正確確率検定
- ✓ ロジスティクス回帰
- ✓ 多重検定補正
- ✓ 検出力分析

### ➤ アノテーション機能

- ✓ 読み込み (GTF/GFF/BED/BAM/TXT/CSV/dbSNP/refFlat)
- ✓ 自動ダウンロード (COSMIC/Database of Genomic Variants/dbSNP/Ensembl/Gencode/miRBase/Refseq/2bit/Cytoband/Affymetrix)

### ➤ 生物学的解釈機能

- ✓ 遺伝子オントロジー解析 (エンリッチメント解析/Gene Set ANOVA/GSEA)
- ✓ オントロジーデータの読み込み (GMT/GAF)
- ✓ パスウェイ解析機能 ※ Partek Pathway が必要 (エンリッチメント解析/パスウェイ ANOVA)

### ➤ 表示機能

- ✓ ゲノムビューアー/カリオグラムビューアー
- ✓ スタープロット/スキャッタープロット
- ✓ ドットプロット/XY プロット/棒グラフ
- ✓ ベン図/ヒートマップ/フォレストプロット
- ✓ バイオリンプロット/ボルケノプロット
- ✓ 大容量ファイルビューアー

### ➤ 出力機能

- ✓ プロジェクトファイル
- ✓ テキストファイル (CSV/TSV/HTML)
- ✓ 画像ファイル (PNG/GIF/JPEG/TIFF/PPM/SVG/PS/PDF)

### ➤ ヘルプ機能

- ✓ ユーザーマニュアル/チュートリアル
- ✓ ウェビナー
- ✓ ホワイトペーパー

# 動作環境

OS :	Windows 10 / 8 / 7 (64bit) macOS 10.13 / 10.12 / 10.11 / 10.10 Ubuntu 12.04 以降、Red Hat 6 / CentOS 6 以降 (64bit)
CPU :	2 GHz 以上、4 コア以上
メモリー :	16 GB 以上
ディスク :	500 GB 以上 (SSD を推奨)
その他 (推奨) :	1280 × 1024 ピクセル以上のモニター OpenGL 対応のグラフィックスカード 高速インターネット接続環境

## ライセンス形態

- マシン固定ライセンス
  - ✓ 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マシン<sup>(注1)</sup>でのみ利用できます。
  - ✓ Windows 版または macOS 版を選択できます。
  - ✓ マシン1台につき1ライセンスが必要です。
  - ✓ 登録したマシンのすべてのユーザーが利用できます。
- ネットワークライセンス
  - ✓ 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。
  - ✓ 同一敷地の同一ネットワーク内の複数台のマシンで利用できます。
  - ✓ プログラムをインストールできる台数に制限はありません。
  - ✓ Windows 版および Linux 版を利用できます。
  - ✓ 同時に起動できるソフトウェアの数はご購入いただいたライセンス数までです。
  - ✓ ライセンス管理サーバー<sup>(注2)</sup>が必要です。

(注1) ライセンス期間中はマシンの変更が可能です。

(注2) Partek Genomics Suite を使用するマシンと共用可能です。

## 次世代シーケンサーとマイクロアレイの対応状況

Partek Genomics Suite は多数のメーカーの次世代シーケンサーやマイクロアレイのプラットフォームに対応しています。また、カスタムアレイにも対応しています。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。

- 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
  - ✓ アジレント・テクノロジー：DNA マイクロアレイ

## 無償トライアル

Partek Genomics Suite を含む Partek 社製品は無償で評価できます。

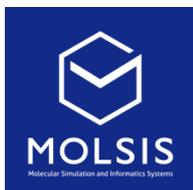
- ✓ トライアル期間は 4 週間です。
- ✓ ユーザー情報とマシン情報の登録およびトライアル契約書へのご署名が必要です。
- ✓ ご要望に応じてウェブ会議または訪問によりソフトウェアの機能紹介とデモを承ります。
- ✓ トライアルをご希望の場合は、モルシスのウェブサイトよりお申し込み下さい。

## 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。

- 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。

(2018/6)



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](mailto:sales@molsis.co.jp)