

메틸화 분석을 간소화해 주는 Illumina Connected Multiomics

강력하고 직관적이며 확장 가능한 멀티오믹스 분석



Illumina Connected Multiomics는 연구자가 고급 바이오인포매틱스(bioinformatics, 생명정보학) 전문 지식 없이 대용량의 복잡한 유전자 조절(gene regulation) 데이터를 직관적으로 분석할 수 있도록 해 줍니다. 간편하게 메틸화(methylation) 데이터와 유전체(genome) 데이터를 통합하여 보다 깊은 생물학적 통찰력을 확보해 보세요.

깊은 생물학적 통찰력 확보

직관적이고 간소한 분석

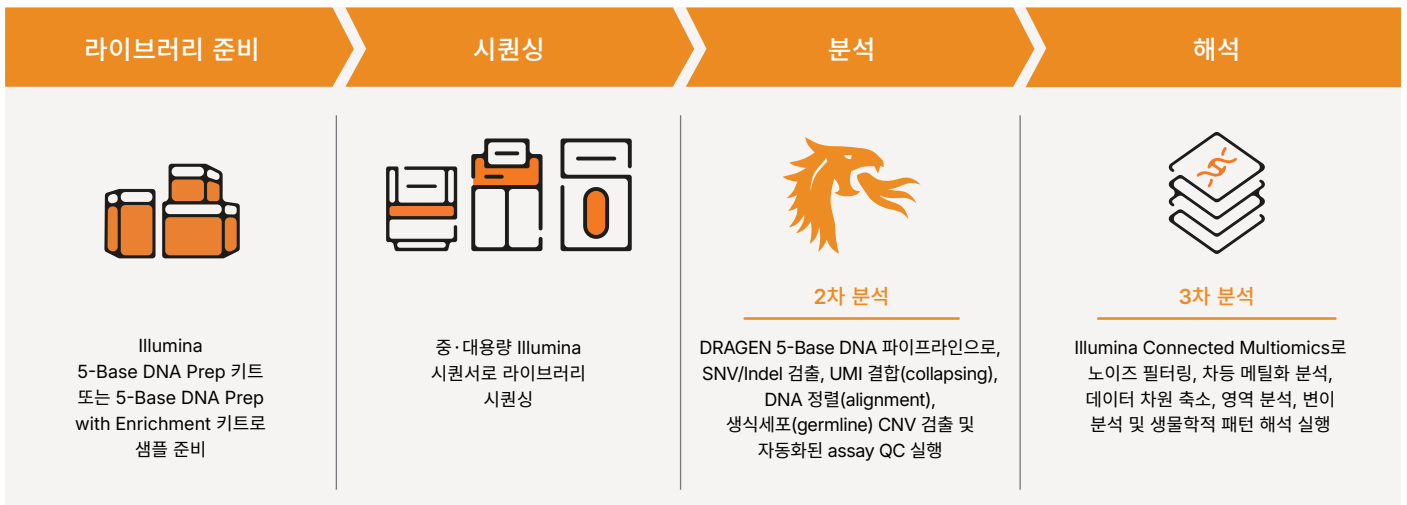
인프라 확대

“Connected” 워크플로우

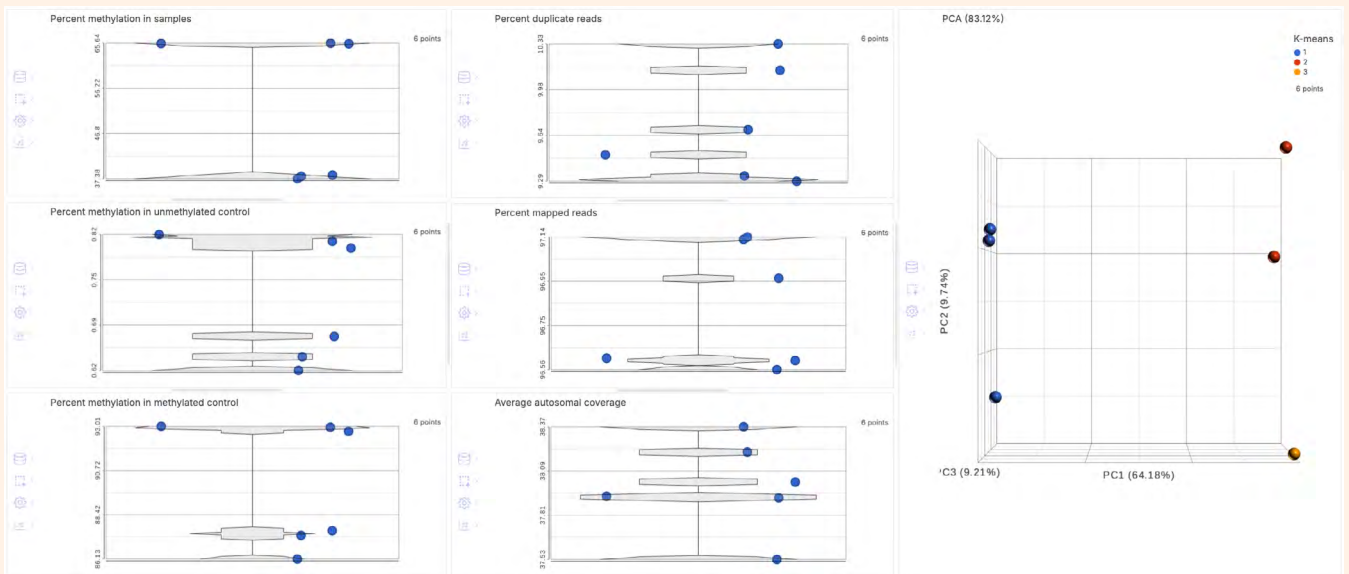
Connected Multiomics는 연구자가 강력한 성능의 DRAGEN™ 5-Base DNA 파이프라인 분석 결과를 활용하도록 최적화되어 있어, 심층적인 생물학적 데이터 탐구를 지원합니다. 연구자는 비주얼 인터페이스를 통해 샘플별 메틸화 정보를 손쉽게 얻고 데이터 차원을 축소하며 샘플을 클러스터링하고 메틸화 변화를 보인 바이오마커(biomarker)를 검출 및 주석 처리(annotation)하며 나아가 이러한 변화와 기능적인 생물학적 과정의 연결 고리를 찾을 수 있습니다.

고급기능

- ✓ 5-Base Methylation QC 보고서
- ✓ 차등 메틸화 영역(Differential Methylation Region, DMR) 검출 & 주석 처리
- ✓ PCA & 클러스터링
- ✓ Gene set & pathway enrichment 분석



생동감 있고 심미성이 뛰어난 인터랙티브 메틸화 데이터 시각화 도구



기본 파이프라인의 5-base 분석 데이터 시각화 예시

