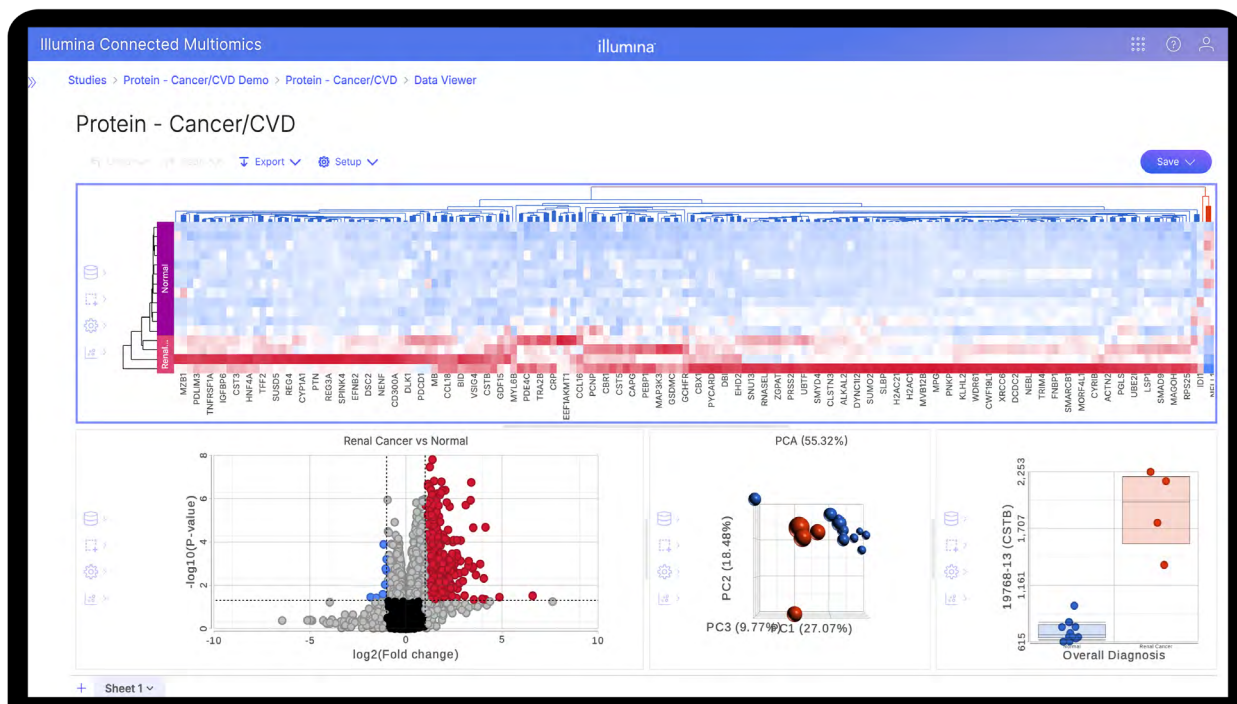


연구 규모에 맞는 단백질 데이터 탐구를 지원하는 Illumina Connected Multiomics

강력하고 직관적이며 확장 가능한 멀티오믹스 분석



Illumina Connected Multiomics는 연구자가 고급 바이오인포매틱스(bioinformatics, 생명정보학) 전문 지식 없이 본인의 연구 규모에 맞게 단백질 데이터를 탐구하고 멀티모달 분석(multimodal analysis)을 수행할 수 있도록 해 줍니다. Connected Multiomics는 사용자 친화적인 그래픽 사용자 인터페이스(GUI)를 통해 강력한 통계 분석 알고리즘과 바로 논문에 실을 수 있는 수준의 시각화된 데이터를 제공합니다.

**깊은 생물학적
통찰력 확보**

**직관적이고
간소한 분석**

**원활한 연구
규모 확대**

"Connected" 워크플로우

이제 샘플 준비 단계부터 데이터 해석 단계까지 전 단계를 아우르는 하나의 통합된 워크플로우로 단백질체(proteome) 연구를 진행할 수 있습니다.

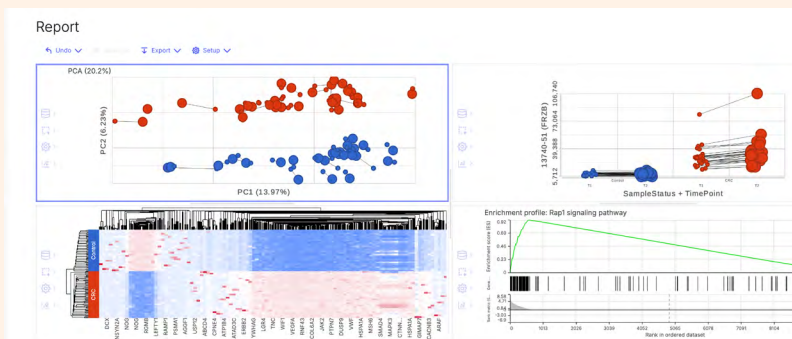
이 워크플로우는 Illumina Protein Prep 키트로 준비한 혈장 또는 혈청 샘플을 대용량 Illumina 시퀀싱 시스템으로 시퀀싱하는 것으로 시작됩니다. 그다음 강력한 Illumina DRAGEN™의 2차 분석과 Illumina Connected Multiomics의 차등 발현 분석이 진행됩니다. 마지막으로 통합된 Correlation Engine 지식베이스를 사용해 pathway 분석이 실행됩니다.

고급 기능

- ✓ 샘플 필터링
- ✓ 차원 축소(Dimension reduction)
- ✓ 클러스터 분석(Cluster analysis)
- ✓ 상관관계 및 유사도 분석
- ✓ 차등 단백질 발현 측정
- ✓ 생물학적 해석 및 pathway 분석



생동감 있고 심미성이 뛰어난 인터랙티브 단백질체 데이터 시각화 도구



두 가지 샘플군을 나타내는 PCA 산점도, 단백질 FRZB 발현을 보여주는 점도표, 단백질 발현 히트맵, signaling pathway의 enrichment profile을 표현한 Ras p1



Enriched pathway를 정리한 막대 그래프, 샘플 메타데이터를 나타내는 생키(Sankey) 플롯, enriched pathway를 보여주는 산점도, 세 가지 단백질 목록의 교집합을 표현한 벤 다이어그램

