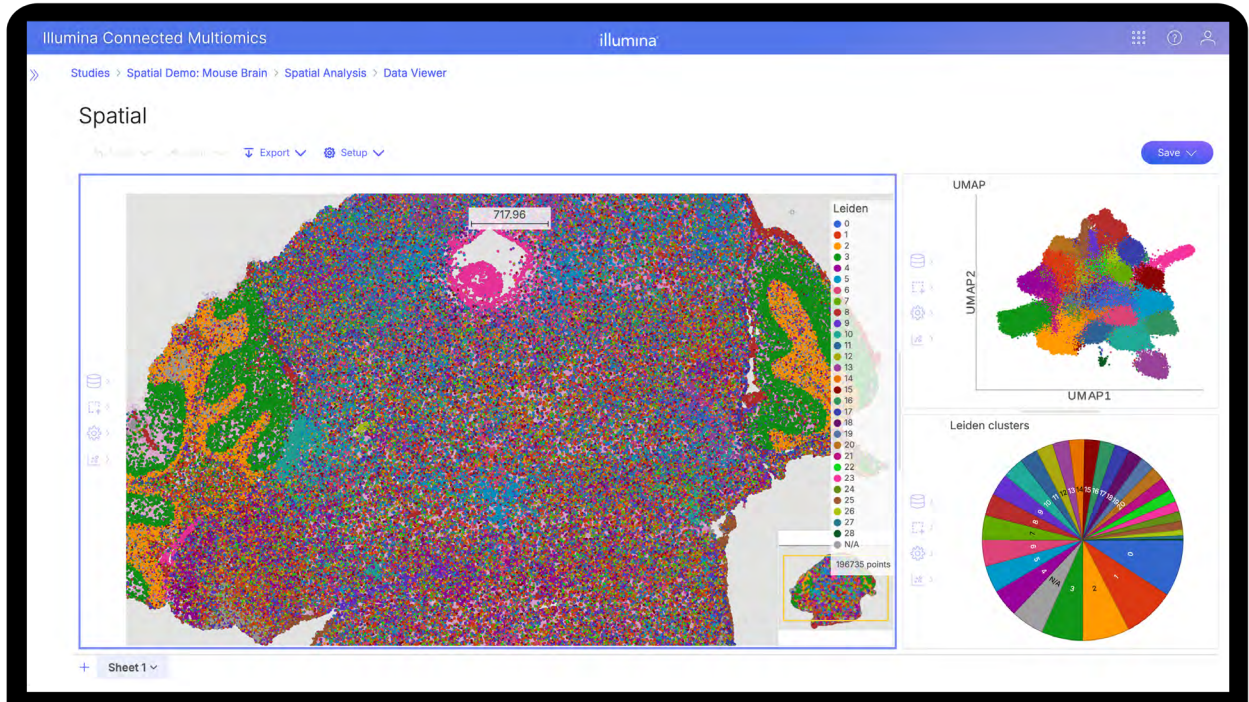


연구 규모에 맞는 정확한 공간 전사체 탐구를 지원하는 Illumina Connected Multiomics

강력하고 직관적이며 확장 가능한 멀티오믹스 분석



Illumina Connected Multiomics는 연구자가 본인의 연구 규모에 맞게 대용량의 복잡한 공간 전사체(spatial transcriptome) 데이터를 직관적으로 분석할 수 있도록 해 줍니다. 이제 고급 바이오인포매틱스(bioinformatics, 생명정보학) 전문 지식 없이 간편하게 공간 전사체 데이터를 다른 오믹스 데이터 및 모달리티와 결합해 보세요.



깊은 생물학적
통찰력 확보



직관적이고
간소한 분석



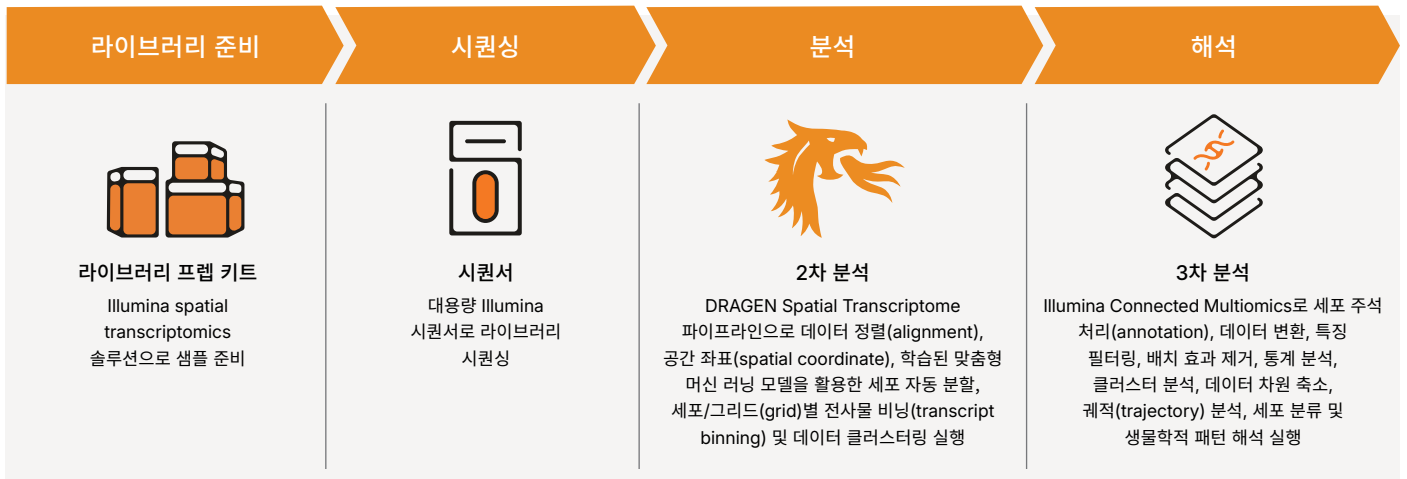
원활한 연구
규모 확대

"Connected" 워크플로우

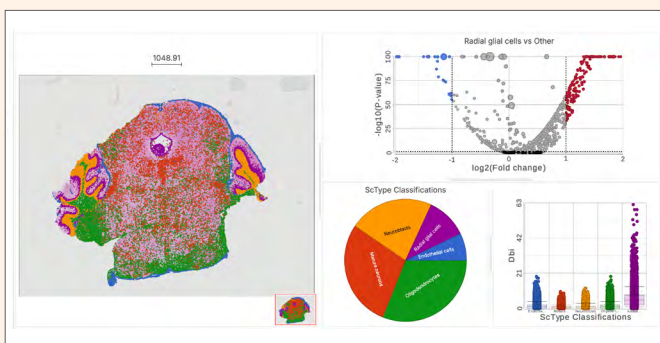
Connected Multiomics는 통합된 DRAGEN™ Spatial Transcriptome 파이프라인의 뛰어난 2차 분석 성능과 정확도를 기반으로 생물학적 탐구에 필요한 결과를 자동으로 수집합니다. 직관적인 비주얼 인터페이스는 인터랙티브 플롯, 클러스터링 (clustering) 그리고 바로 논문에 실을 수 있는 수준의 고해상도 데이터 시각화 기능을 제공함으로써 멀티오믹스 데이터 분석을 간소화하여 세포 과정 및 공간 발현 패턴의 심층적인 탐구를 가능하게 해 줍니다. 생물학적 해석은 통합된 세계 최대 규모의 오믹스 지식베이스인 **Correlation Engine**을 통해 실행할 수 있습니다. Illumina 생태계 안에서 편리하게 샘플 준비부터 데이터 해석까지 연구의 모든 단계를 완료하고 손쉽게 공간 전사체 분석을 실행해 보세요.

고급 기능

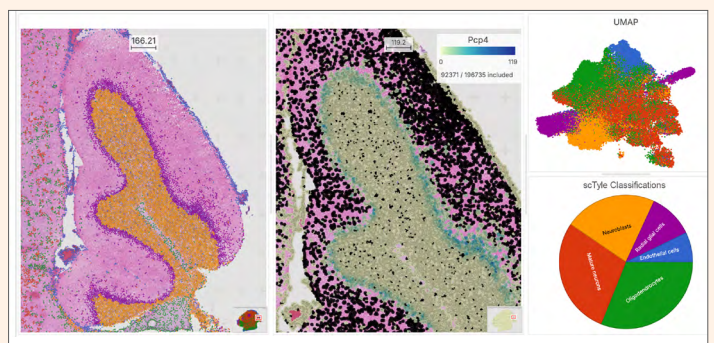
- ✓ QA/QC
- ✓ 조직 탐구
- ✓ 차원 축소(Dimensional reduction)
- ✓ 차등 분석(Differential analysis)
- ✓ 클러스터링 및 분류
- ✓ 정규화(Normalization) 및 배치 효과 수정(batch effect correction)
- ✓ 생물학적 해석



생동감 있는 인터랙티브 공간 전사체 데이터 시각화 도구



명확한 뇌 구조와 세포 군집을 보여주는 자동 세포 유형 분류(cell typing); 다양한 세포 유형에 걸쳐 차등 유전자 발현 및 신호 전달 유전자의 발현 레벨 표현을 하이라이트하는 볼케이노 플롯



신경 발달과 연관성이 있는 뇌 구조와 유전자의 발현을 알려주는 세포 유형 및 특정 유전자의 발현; 세포 유형 간 전사체 유사도를 보여주는 UMAP 플롯

