

Illumina Connected Multiomics

强大、直观、可扩展的
多组学数据分析



在单一平台上整合多组学数据分析，
尽可能地获取见解，加速发现



无需先进的生物信息学专业储备，
即可简化复杂数据集的解读流程



依托高性能数据分析算法与交互式
可视化工具，获取可靠的分析结果

简介

多组学分析是一种强大的多学科研究方法，它可整合蛋白质组、转录组、表观基因组与基因组等多个组学层面的数据，并结合单细胞分析、空间分析等技术手段，实现对复杂生物系统的全面解析。然而，对高深度的多组学研究产生的海量数据进行分析，需要极大的计算量。整合多组学研究的结果并对数据进行可视化处理，对实验室来说是一大难题。

Illumina Connected Multiomics是一款便捷易用、可灵活拓展的多组学及多模式数据分析与可视化系统，能够有效攻克上述难题。Illumina Connected Multiomics基于成熟可靠的行业标准统计算法构建，可输出高质量分析结果，并提供丰富的交互式可视化功能，助力研究人员简化数据解读流程、加速发现。与因美纳文库制备、测序技术、DRAGEN™二级分析技术及Correlation Engine组学知识库无缝整合，实现从样本到见解的简化操作（图1）。Illumina Connected Multiomics配备直观的用户界面，针对因美纳核心检测技术及部分第三方检测技术，提供预配置及可定制化的分析流程。各专业水平的研究人员均可轻松、自信地开展多组学数据探索工作。

直观界面

Illumina Connected Multiomics提供了一套全面的基因组学工具，通过专为支持多组学研究新兴趋势和进展而构建的工作流程，实现多模式分析。该软件图形用户界面非常直观（图2），专为不同专业水平的研究人员设计，便于开展多组学数据探索工作。清晰易懂、可直接操作的对话框，为数据分析与可视化流程提供全程引导，助力用户自信开展数据分析工作。此外，针对核心实验室及具备信息学专业背景的用户，Illumina Connected Multiomics还提供对高级工具、可定制流程和用户控件的访问权限。

强大的多组学分析能力

多组学数据分析需要一套专门的工具，以应对各种生物数据集整合的复杂性，并实现从每份样本中提取高质量信息的目标。Illumina Connected Multiomics利用由公开的行业标准统计算法和模型构建的分析工具，揭示不同组学层面的数据规律，确保分析结果准确可靠。交互式可视化工具可支持用户生成内容丰富、可直接用于学术发表的高质量图表，帮助用户从海量多维数据集中获得有意义的见解。





图2: Illumina Connected Multiomics界面

高度可视化的用户界面，可帮助不同专业水平的研究人员自信地开展多组学数据集探索工作。

Illumina Connected Multiomics功能灵活多样，可针对蛋白质组学、转录组学、表观基因组学、基因组学等多类多组学应用^{*}，以及单细胞转录组学、空间转录组学等技术手段，实现高分辨率数据分析。该软件可自动导入DRAGEN分析流程输出的数据文件，同时支持市售其他平台的数据导入，灵活性很高。

蛋白质组学分析

Illumina Connected Multiomics简化了复杂高通量蛋白质组学数据的分析与可视化流程。采用Illumina Protein Prep完成蛋白捕获与文库制备，并在因美纳测序仪上完成测序后，DRAGEN Protein Quantification流程会启动二级分析，涵盖蛋白计数、归一化及质控报告生成。上述分析输出结果可在Illumina Connected Multiomics中进一步分析，从而实现样本过滤、降维、聚类、差异表达和通路分析等功能。交互式2D和3D可视化可帮助研究人员探索单组学、多组学和多模式数据集之间的生物学模式和关系（图3）。

转录组学分析

Illumina Connected Multiomics具备全面的转录组学数据解读能力。采用Illumina RNA Prep完成RNA提取与文库构建后，在因美纳测序仪上测序以生成原始read。DRAGEN RNA分析流程会对read进行比对、定量、归一化及严格的质量检查。获得初始分析结果后，Illumina Connected Multiomics可提供一系列高级工具，可用于优化数据集、开展降维、样本聚类以及鉴定差异表达基因（图4）。整合通路富集分析与交互式可视化面板，可助力研究人员在转录组学及多组学研究场景下，揭示基因功能关联与生物学趋势（图4）。

表观基因组学分析

Illumina Connected Multiomics可在单次测序运行中分析DNA甲基化和遗传变异。借助Illumina 5-Base DNA Prep和DRAGEN分析流程，研究人员可以同时检测甲基化胞嘧啶与标准基因组变异，从而更深入地了解基因调控机制。Illumina Connected Multiomics提供多种高级分析功能，助力研究人员深度研究甲基化数据，包括差异甲基化区域（DMR）检测、基因集与通路富集分析、主成分分析（PCA）以及无监管聚类分析（图5）。对用于描述read定位质量与CpG甲基化位点检出的样本水平质控指标进行可视化，能够更便捷地筛除不符合研究标准的样本，从而确保仅将高质量数据用于下游分析。借助Illumina Connected Multiomics，研究人员能够探究不同样本间的甲基化差异、完成基因组区域注释，并建立表观遗传修饰与生物学功能的关联，从而尽可能地从基因组和表观基因组研究中获得见解。

^{*} 关于支持的检测的完整列表，请访问
help.connected.illumina.com/icm/reference/supported-data-types

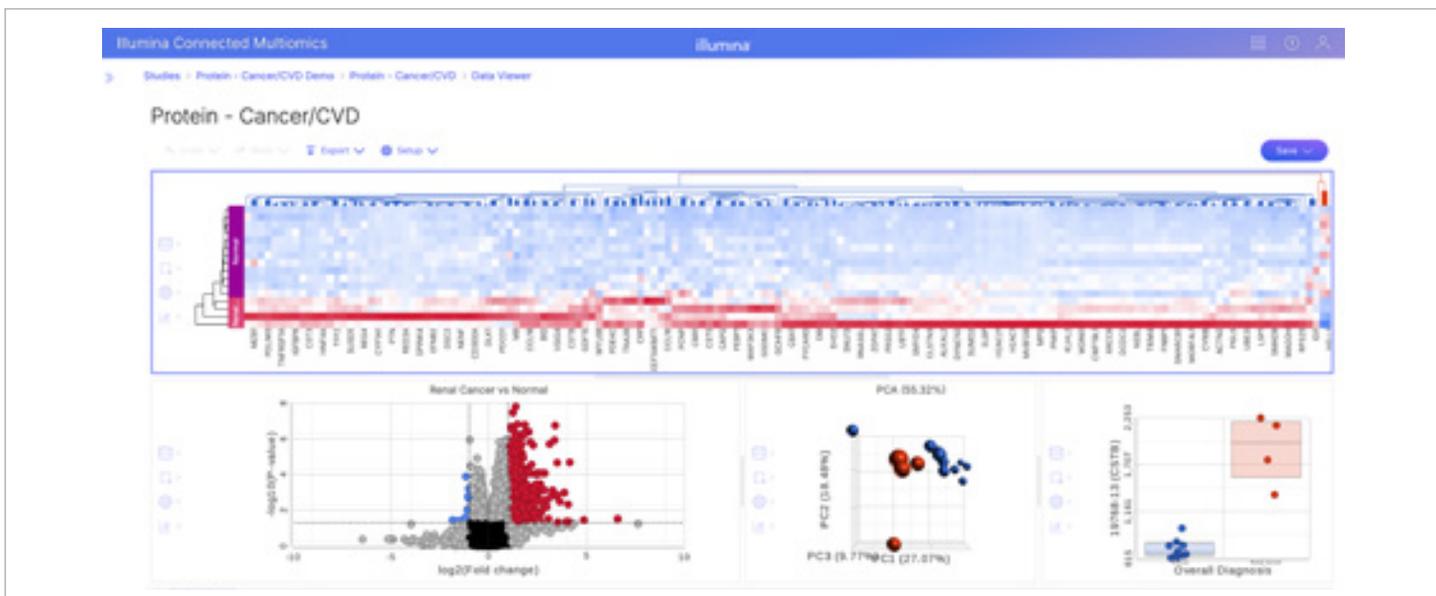


图3: 利用强大的算法和可视化功能探索大规模的蛋白质组学数据

Illumina Connected Multiomics的输出示例: 上方为分层聚类热图, 用于鉴定注释信息与蛋白质之间的关联性; 下方为火山图与PCA, 呈现实验组与对照组样本的蛋白质组学差异对比结果。



图4: 借助界面中的直观可视化结果, 全面呈现完整的转录组视图。

Illumina Connected Multiomics的输出示例: (A) 各样本的3D PCA图, 可呈现数据降维结果, 图中以细胞系为依据进行着色, 并以癌症类型为依据调整图形尺寸; (B) 不同细胞系间的基因表达箱线图; (C) 分层聚类热图 (展示样本间基因关联) 与细胞系基因均值气泡图; (D) 桑基图, 显示属性关系; (E) 火山图 (展示基因的上调与下调表达情况); (F) 样本间平均基因表达折线图; (H) 通路分析图 (辅助解析生物学机制)。

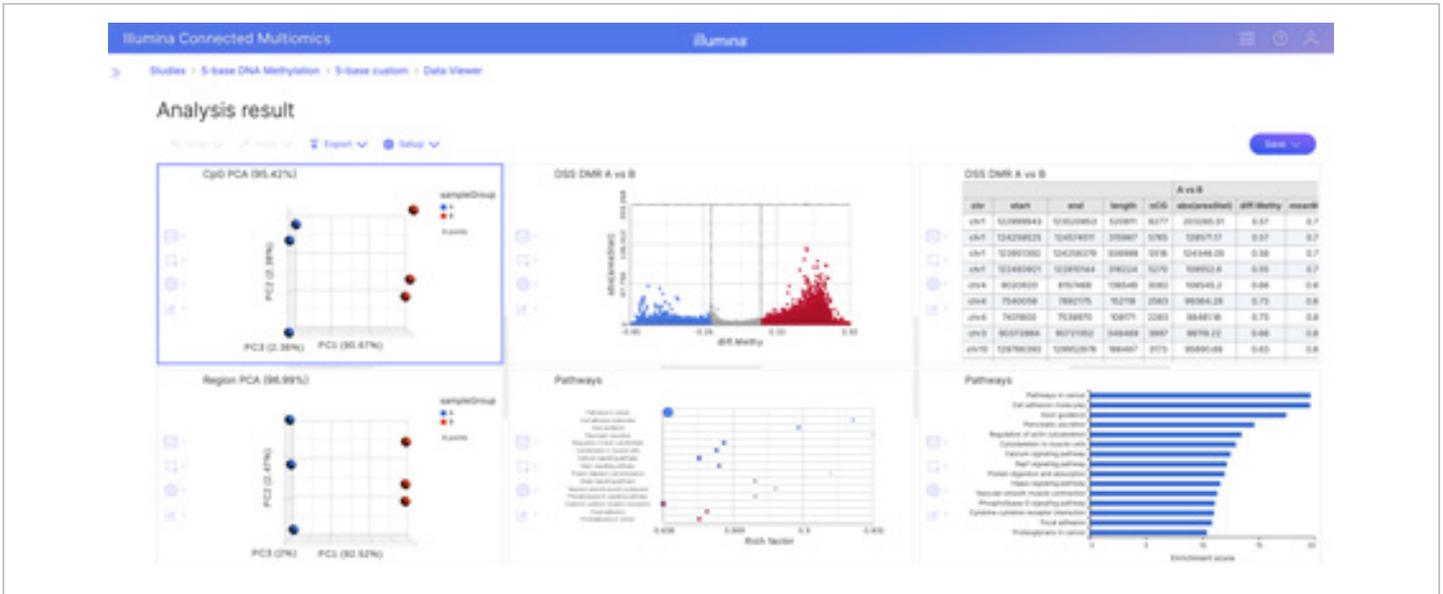


图5: 尽可能从甲基化检测中获取见解

Illumina Connected Multiomics的输出示例: 通过PCA图实现数据集样本间异同的并列可视化; 利用差异分析鉴定样本间的低甲基化与高甲基化区域; 借助通路分析深入解析生物学背景。

单细胞转录组学分析

单细胞转录组学数据分析的计算量极大, 这源于单细胞检测技术本身存在的高维度、高通量数据特征, 以及技术层面与生物学层面的固有差异性。Illumina Connected Multiomics针对使用Illumina Single Cell 3' RNA Prep和DRAGEN Single Cell RNA分析流程生成的数据进行了专项优化, 可支持高达百万级细胞的规模化分析, 配备的数据质控报告、过滤、归一化、降维、聚类、细胞分型、差异表达及通路分析等功能, 助力研究人员尽可能获取更多见解。Illumina Connected Multiomics支持整合部分第三方单细胞RNA测序平台生成的数据, 并可结合表型元数据对分析结果进行注释, 从而丰富生物学背景信息。研究人员可使用交互式2D和3D可视化工具, 同时探索多种组学数据与技术模式, 并利用内置工具整合细胞群体数据开展比较分析 (图6)。

空间转录组学分析

借助空间转录组学技术, 研究人员可在完整组织中分析基因表达特征, 从而揭示复杂组织空间背景下的细胞行为。空间转录组学数据分析具有一定挑战性, 原因在于整合测序与成像技术的产出数据时, 会生成大量的高维数据。Illumina Connected Multiomics可将空间转录组学整合至一套简化工作流中, 该流程以因美纳空间技术为起点, 后续依次开展高通量测序, 以及基于DRAGEN Spatial Transcriptome分析流程的二级分析——此分析流程可实现read比对、空间坐标定位、基于机器学习的细胞区分与数据聚类功能。分析结果可在Illumina Connected Multiomics中进行交互式探索。支持差异表达分析、自动细胞分型、标记基因鉴定, 并可生成直接用于发表的可视化结果解读的专用工具 (图7), 使研究人员能够更深入地了解组织结构和基因表达。

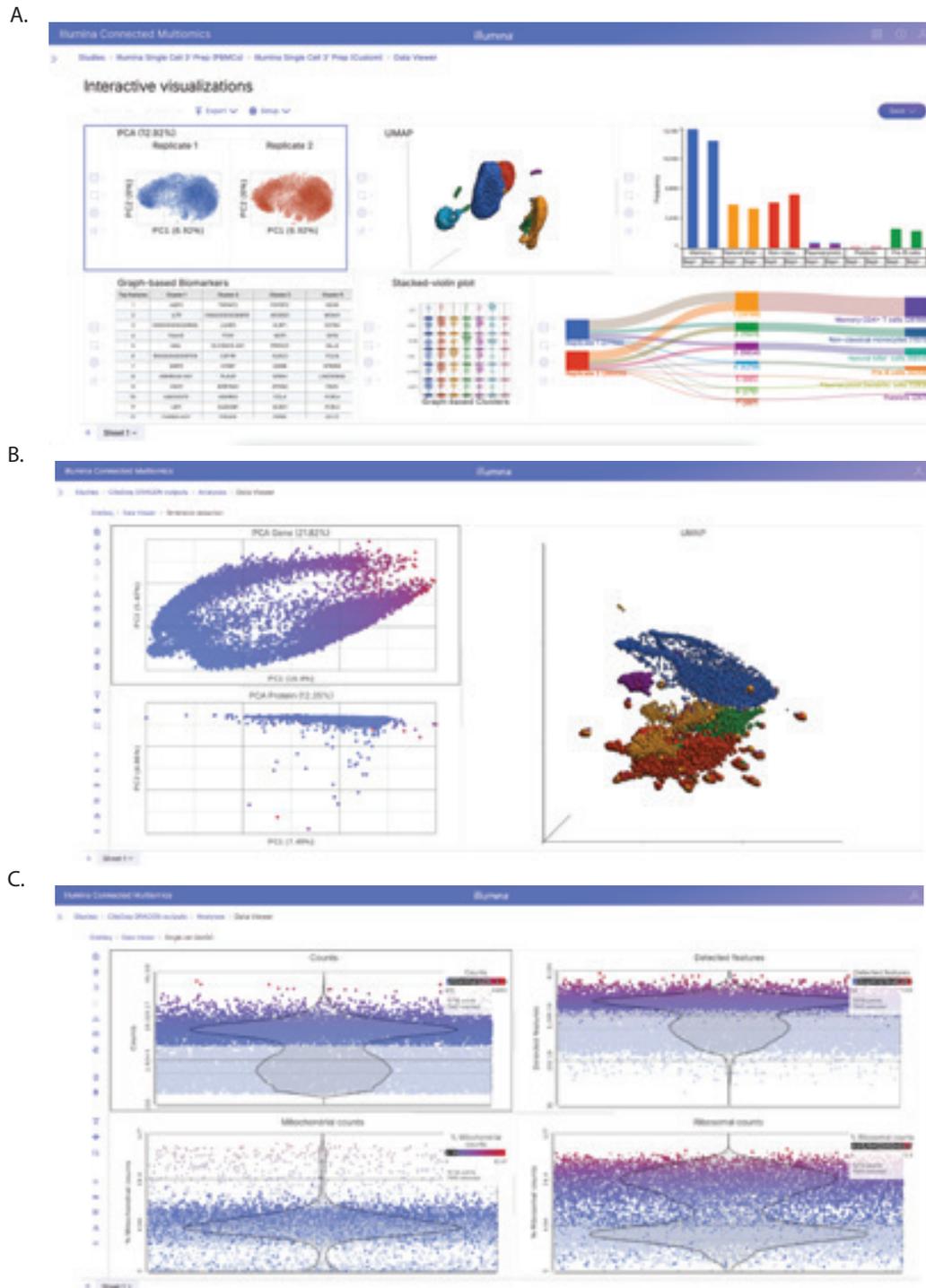


图6: 借助先进的工具和可视化功能, 同时分析单细胞RNA测序分析的多个样本

Illumina Connected Multiomics的输出示例: (A) PCA、UMAP投影及细胞分型的3D可视化结果, 同步生成柱状图展示所有图谱中高亮显示的细胞类型, 并通过细胞类型间的差异表达分析筛选潜在生物标志物; (B) 细胞的独立视图与整合视图, 支持在单细胞数据集中同时探索多种技术模式; (C) 基于UMI计数、检出基因数量、线粒体与核糖体基因计数开展的交互式细胞水平质控与细胞过滤。

UMAP, 统一流形逼近与投影算法; UMI, 唯一分子标记。



图7: 借助高性能分析功能与丰富的可视化功能, 解析完整组织样本中的基因表达特征。

Illumina Connected Multiomics的输出示例: 通过空间细胞分型揭示组织结构特征, 并呈现其中一种已鉴定细胞类型的生物标志物相关基因表达情况。配套的柱状图展示了该组织中所有已鉴定细胞类型的相对丰度。

灵活、可扩展的工作流程

Illumina Connected Multiomics支持从小规模试点实验到大规模多模式研究的全场景应用。平台具备高度灵活性, 内置预配置分析流程与可定制化分析流程, 能够简化数据导入、整合与注释环节, 助力实验室开展系统性综合研究。Illumina Connected Multiomics搭载先进的信息学工具、可扩展的性能和端到端工作流程, 在安全优先的架构设计之上提升操作效率, 且该架构完全符合数据隐私与合规标准要求。

总结

将来自基因组学、转录组学、表观基因组学和蛋白质组学等互补模式的研究结果整合到多组学数据集中, 研究人员能够更全面地了解细胞功能。Illumina Connected Multiomics是一款易于使用的生物信息学平台, 可通过直观的可视化用户界面简化NGS和大规模多组学数据的分析。强大的统计算法、信息丰富的可视化、交互式界面和前沿基因组工具使研究人员能够自信地分析数据, 无需过高的信息学专业知识。

了解更多 →

[Illumina Connected Multiomics](#)

[DRAGEN二级分析](#)

订购信息

产品	货号
Illumina Connected Multiomics 基础版许可证	20141940
Illumina Connected Multiomics 专业版许可证—试用版	20141939
Illumina Connected Multiomics 专业版许可证—年度版	20141942
Illumina Connected Multiomics 专业版许可证—月度版	20156707

Illumina中国

上海办公室 • 电话 (021) 6032-1066 • 传真 (021) 6090-6279
北京办公室 • 电话 (010) 8441-6900 • 传真 (010) 8455-4855
技术支持热线 400-066-5835 • chinasupport@illumina.com
市场销售热线 400-066-5875 • china_info@illumina.com • www.illumina.com.cn

© 2026 Illumina, Inc. 保留所有权利。所有商标均为因美纳公司或其各自所有者的财产。
关于具体的商标信息，请访问www.illumina.com.cn/company/legal.html。
M-GL-03824 v1.0



因美纳企业动态



因美纳讲堂



因美纳中国官方商城

