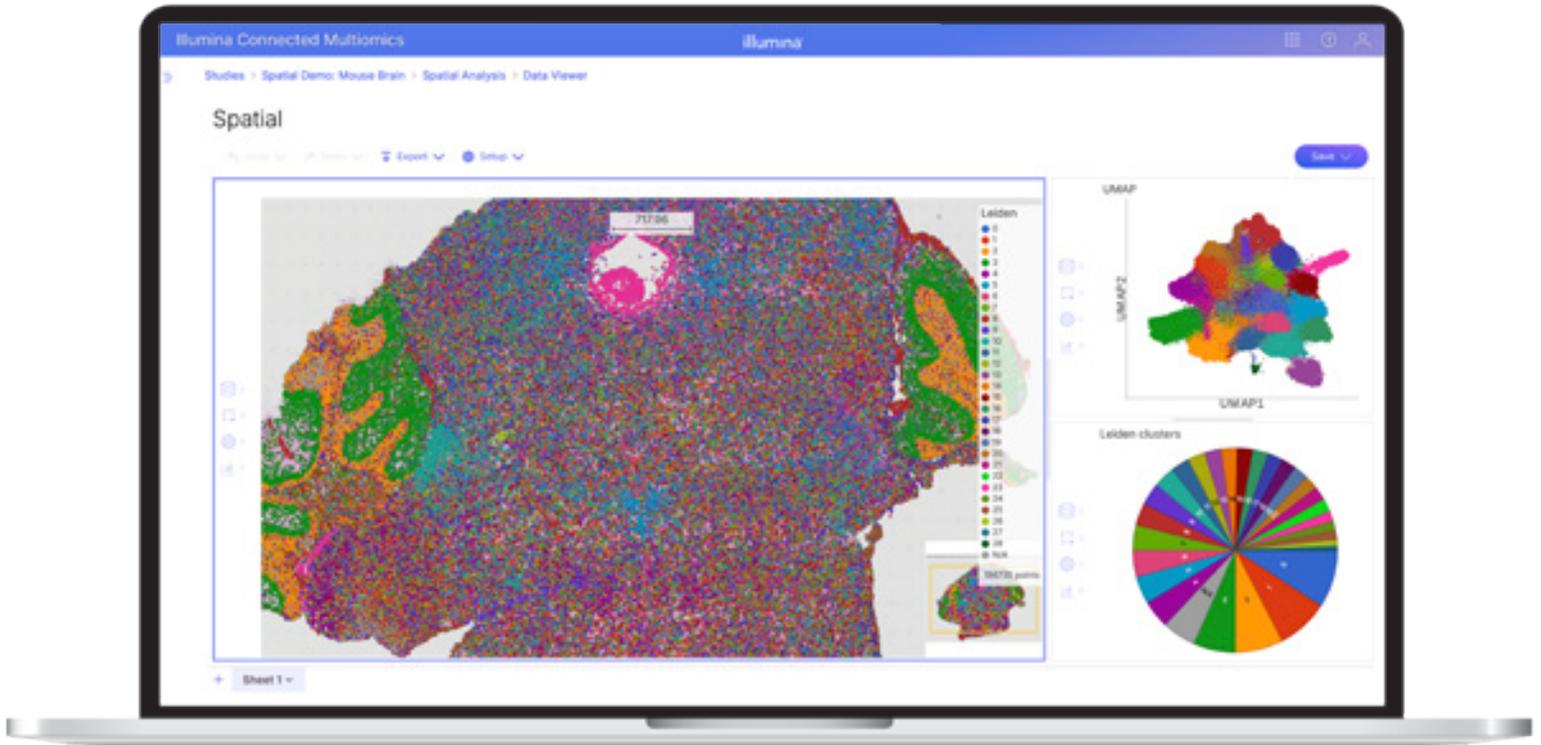


# 精确的规模化空间探索

## 使用Illumina Connected Multiomics

强大、直观、可扩展的多组学分析



Illumina Connected Multiomics让研究人员能够直观、规模化地分析大型且复杂的空间转录组数据。轻松将空间数据与其他组学数据和模态相结合，无需生物信息学专业知识。



发掘更深入的生物学见解



使用直观的软件简化分析



轻松扩展您的研究

## 互联的工作流程

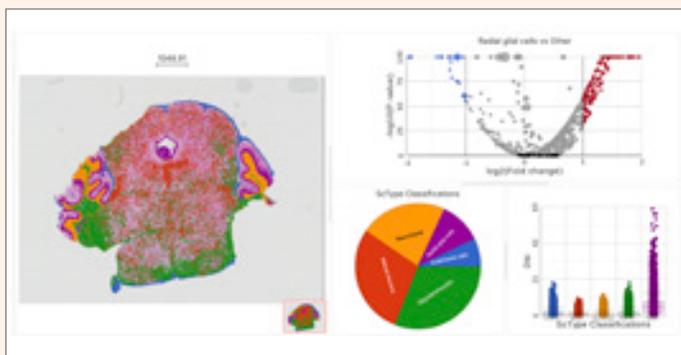
Connected Multiomics可利用集成的DRAGEN™ Spatial Transcriptome流程的强大功能和准确性进行二级分析，并自动导入分析结果，支持生物学探索。直观的可视化界面有效简化了多组学数据分析，可以通过交互式绘图、聚类分析和高分辨率可视化深入探索细胞过程和空间表达模式。研究人员可通过内置的Correlation Engine（全球规模最大的组学知识库之一）开展生物学解读工作。依托因美纳的生态系统，实现从样本制备到数据解读的全流程整合，让您的空间转录组分析更简单高效。

### 高级功能包括：

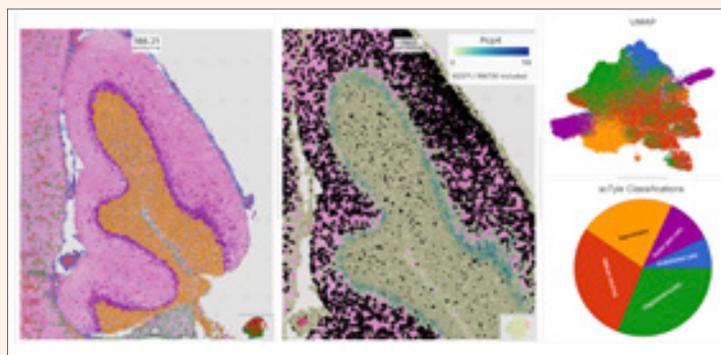
- ✓ QA/QC
- ✓ 探索组织
- ✓ 降维
- ✓ 差异分析
- ✓ 聚类和分类
- ✓ 归一化和批次校正
- ✓ 生物学解读



## 通过交互式可视化逼真呈现您的空间数据



自动细胞分型揭示了不同的大脑结构和细胞群；火山图突出显示了不同的基因表达，并显示了不同细胞类型中信号转导基因的表达水平。



空间细胞分型揭示了与神经元发育相关的大脑结构和基因表达；UMAP图显示成熟神经元（红色）和少突胶质细胞（绿色）之间的转录相似性。

