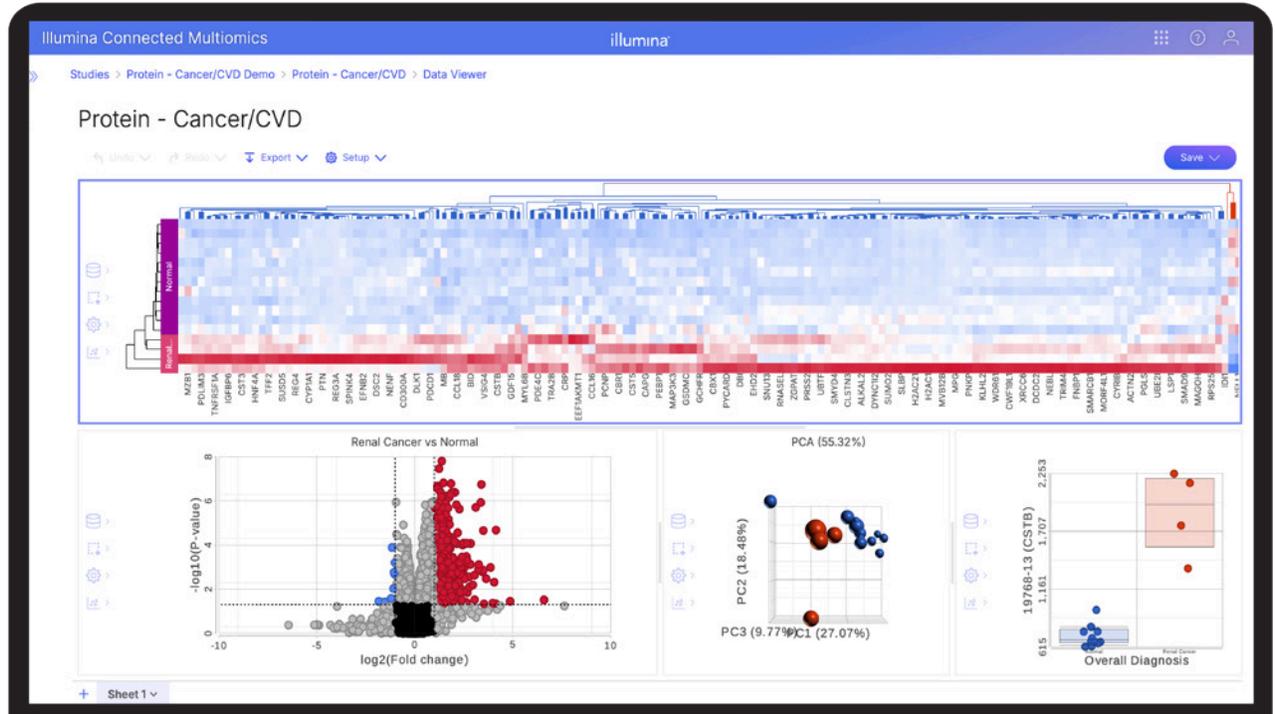


大规模探索蛋白质数据

使用Illumina Connected Multiomics

强大、直观、可扩展的多组学分析



Illumina Connected Multiomics使研究人员能够大规模探索蛋白质数据，并进行多模式和多组学分析，无需先进的生物信息学专业背景。通过易于使用的图形用户界面，Connected Multiomics提供了强大的统计算法和可直接发表的可视化结果。

更深入地揭示生物学背景

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

单一集成工作流程即可实现蛋白质组学研究从样本制备到数据解读的全流程覆盖。

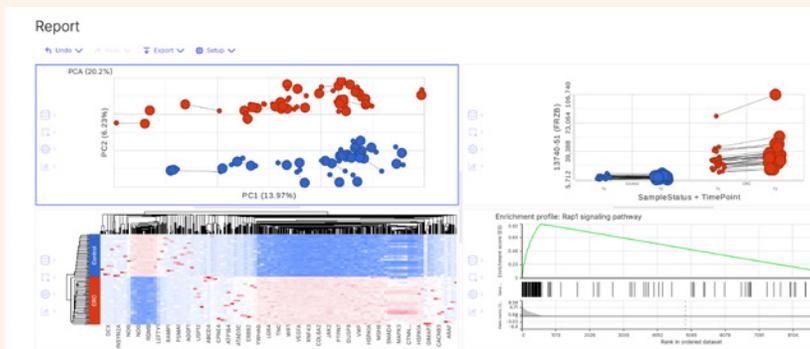
采用因美纳蛋白制备试剂盒和您青睐的因美纳高通量测序仪启动工作流程，对血清或血浆样本开展检测。再利用Illumina DRAGEN的强大功能完成二级分析。在Illumina Connected Multiomics中进行差异分析，最后使用内置的Correlation Engine知识库开展通路分析，即可完成全部研究流程。

高级功能包括：

- ✓ 样本筛选
- ✓ 执行降维操作
- ✓ 聚类分析
- ✓ 相关性和相似性分析
- ✓ 鉴定差异蛋白表达
- ✓ 由通路分析获取生物学见解



通过美观的交互式可视化结果生动展示您的蛋白质组学研究



PCA散点图展示了两组样本的分布特征；点图呈现了FRZB蛋白的表达水平；蛋白质表达热图；Rasp1显示了信号通路富集图谱。



柱状图展示了富集通路；桑基图整合了样本元数据信息；散点图呈现了富集通路；韦恩图展示了三组蛋白质列表交集情况。

