

# illumina Connected Multiomics

パワフルで直感的かつ拡張性の  
あるマルチオミクスデータ解析



マルチオミクスデータ解析を1つのプラットフォームに統合し、洞察を最大化し、発見を加速



高度なバイオインフォマティクスの専門知識を必要とせず、複雑なデータセットからの解釈を簡素化



強力なアルゴリズムによるデータ解析とインタラクティブな視覚化により、信頼できる結果を取得

## はじめに

マルチオミクス解析は、プロテオーム、トランスクリプトーム、エピゲノム、ゲノムなどの複数のオームからのデータを組み合わせ、シングルセル解析や空間的解析などのモダリティを統合し、複雑な生物学的システムの全体的な視点を提供する強力な集学的なアプローチです。しかし、詳細なマルチオミクス研究で生成される大量のデータの解析は、計算負荷が非常に高くなります。さらに、マルチオミクス研究の結果統合やデータの視覚化は、ラボにとって大きなボトルネックとなります。

Illumina Connected Multiomicsは、マルチオミクスおよびマルチモーダルデータを解析・視覚化するための直感的でスケーラブルな環境であり、これらの課題を克服します。確立された業界標準の統計アルゴリズムに基づいて構築されたIllumina Connected Multiomicsは、データ解釈を簡素化し、発見を加速する、豊かでインタラクティブな視覚化によって、高品質の結果を提供します。イルミナのライブラリー調製、シーケンス、DRAGEN™二次解析、およびCorrelation Engineのオミクスナレッジベースとの統合により、サンプルから洞察までの作業が効率化されます(図1)。Illumina Connected Multiomicsは、主要なイルミナアッセイおよび一部のサードパーティアッセイに対応し、事前設定済みの、カスタマイズ可能なワークフローを備えた直感的なユーザーインターフェースを特徴とします。あらゆるスキルレベルの研究者は、マルチオミクスデータを簡単かつ自信を持って探索できるようになります。

## 直感的なインターフェース

Illumina Connected Multiomicsは、マルチオミクス研究の新たなトレンドと進歩に対応するように構築されたワークフローを使用して、マルチモーダル解析を可能にする包括的なゲノムツールスイートを提供します。このソフトウェアは、あらゆるスキルレベルの研究者がマルチオミクスデータを探索できるように設計された、高度に視覚的なグラフィカルユーザーインターフェース(図2)を備えています。明確で、実用的なダイアログにより、解析と視覚化を通じてガイダンスを提供し、自信を持ってデータ解析が実施できるようになります。さらに、Illumina Connected Multiomicsは、コアラボやインフォーマティクスの専門知識を有するユーザー向けに、高度なツール、カスタマイズ可能なパイプライン、およびユーザーコントロールへのアクセスを提供します。

## パワフルなマルチオミクス解析

マルチオミクスデータ解析には、多様な生物学的データセットを統合し、すべてのサンプルから高品質の情報を抽出するという複雑さを処理するように設計された一連の特殊なツールが必要です。Illumina Connected Multiomicsには、公開されている業界標準の統計アルゴリズムとモデルを使用して構築された解析ツールを活用し、オミクス層全体のパターンを解明することで、結果に自信を持つことができます。インタラクティブな視覚化ツールを使用することで、豊富な、論文投稿に対応した図を生成し、大規模で多次元的なデータセットから意義のある洞察を得ることができます。



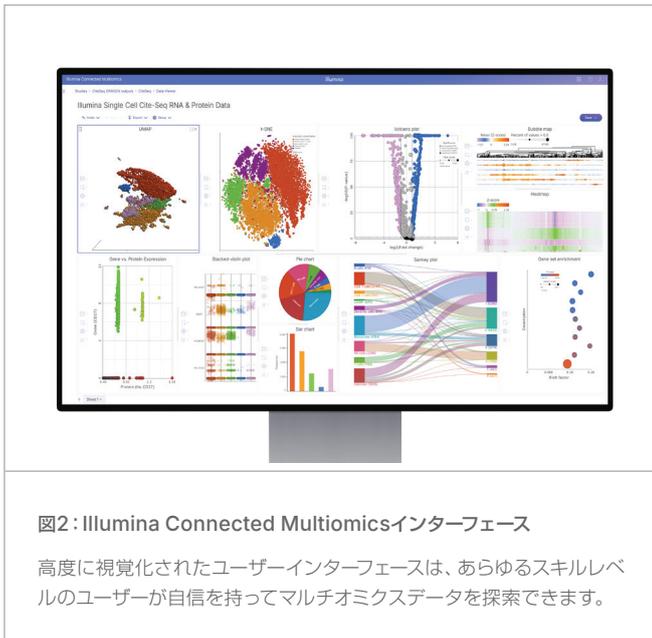


図2: Illumina Connected Multiomicsインターフェース

高度に視覚化されたユーザーインターフェースは、あらゆるスキルレベルのユーザーが自信を持ってマルチオミクスデータを探索できます。

## トランスクリプトミクス解析

Illumina Connected Multiomicsは、トランスクリプトームデータ解析のための包括的な機能を提供します。Illumina RNA Prepを用いたRNA抽出およびライブラリー構築の後、イルミナシステム上でシーケンスを実施し、生リードを生成します。DRAGEN RNAパイプラインは、アライメント、定量、正規化、および厳密な品質チェックを通じて、これらのリードを処理します。一次出力が準備できたら、Illumina Connected Multiomicsは、データセットの精緻化、次元削減の適用、サンプルのクラスタリング、および差次的に発現する遺伝子の同定に対応する高度なツールを提供します (図4)。統合されたパスウェイの強化とインタラクティブな視覚的ダッシュボードにより、トランスクリプトームとマルチオミクスの全体にわたる機能的関係と生物学的傾向を明らかにすることができます (図4)。

## エピゲノミクス解析

Illumina Connected Multiomicsは、1回のシーケンスランからDNAメチル化と遺伝的バリエーションの解析が可能です。Illumina 5-Base DNA PrepとDRAGEN解析パイプラインを使用することで、標準的なゲノムバリエーションとともにメチル化シトシンを検出することができます。遺伝子制御に関するより深い洞察が可能になります。Illumina Connected Multiomicsは、メチル化可変領域 (DMR) の検出、遺伝子セットとパスウェイの濃縮、主成分分析 (PCA)、教師なしクラスタリングなどの高度な解析を使用して、メチル化データをより深く掘り下げることができるようにします (図5)。リードマッピングの品質とCpGメチル化コールを記述するサンプルレベルのQCメトリクスを視覚化することで、研究基準を満たさないサンプルを容易に除外でき、高品質のデータのみが下流の解析に使用されることが保証されます。Illumina Connected Multiomicsを使用すると、サンプル間のメチル化の変化を探索し、ゲノム領域に注釈を付け、エピジェネティックな修飾を生物学的機能にリンクさせ、ゲノムおよびエピゲノム研究からの洞察を最大化することができます。

Illumina Connected Multiomicsは汎用性が高く、プロテオミクス、トランスクリプトミクス、エピゲノミクス、ゲノミクス、およびシングルセルや空間トランスクリプトミクスなどのモダリティを含む、広範囲なマルチオミクスアプリケーションにわたって高分解能データ解析を可能にします。本ソフトウェアは、DRAGEN解析パイプラインから出力データファイルを自動で取り込み、最大限の柔軟性を得るために他の市販プラットフォームのインポートに対応します。

## プロテオミクス解析

Illumina Connected Multiomicsは、複雑なハイスループットのプロテオミクスデータの解析および視覚化がシンプルに行えます。Illumina Protein Prepを用いたタンパク質捕捉とライブラリー調製、そしてイルミナシーケンスシステムでのシーケンスに続いて、DRAGEN Protein Quantificationパイプラインでは、品質管理レポート作成とともに、タンパク質計数および正規化を含む二次解析を実施します。これらの出力はIllumina Connected Multiomics内でさらに解析され、サンプルフィルタリング、次元削減、クラスタリング、発現差異、およびパスウェイ解析が可能です。インタラクティブな2Dおよび3Dの視覚化は、シングルオミクス、マルチオミクス、およびマルチモーダルデータセットに対する生物学的パターンおよび関係の探索に役立ちます (図3)。

\* 対応するアクセシビリティの完全なリストについては、[help.connected.illumina.com/icm/reference/supported-data-types](https://help.connected.illumina.com/icm/reference/supported-data-types)をご覧ください。



図3: 強力なアルゴリズムと視覚化を使用した、大規模なプロテオミクスデータの探索

Illumina Connected Multiomicsからの出力例。(上) アノテーションとタンパク質問の相関を識別する階層的クラスタリングヒートマップ、(下) 試験サンプルとコントロールサンプル間のプロテオミクスの比較を示すボルケーノプロットおよびPCA。



図4: 使いやすいインターフェースで洞察に満ちた視覚化を使用した、トランスクリプトーム全体像の生成

Illumina Connected Multiomicsからの出力例。(A) 細胞株別に色付けし、がんの種類別にサイズ分けした次元縮小を示す各サンプルの3D PCAプロット、(B) 細胞株間の遺伝子発現を示す箱ひげ図、(C) サンプル間の遺伝子関係を示す階層的クラスタリングを用いたヒートマップおよび細胞株間の遺伝子平均値を示すバブルマップ、(D) 属性関係を示すサンキープロット、(E) 遺伝子のアップレギュレーションおよびダウンレギュレーションを示すボルケーノプロット、(F) サンプル間の平均遺伝子発現を示すラインプロット、および (H) 生物学の解釈に役立つパスウェイ解析。



図5:メチル化アッセイからの洞察を最大化

Illumina Connected Multiomicsからの出力例。PCAプロットを用いたデータセットにおけるサンプル間の類似点および相違点の並列視覚化、サンプル間の低メチル化および高メチル化領域を検出するための微分解析、および生物学的状況をよりよく理解するためのパスウェイ解析。

## シングルセルトランスクリプトミクス解析

シングルセルトランスクリプトミクスデータの解析は、シングルセルアッセイに固有の高次元性、膨大さ、技術的および生物学的変動性のために、計算負荷が非常に高くなります。Illumina Connected Multiomicsは、Illumina Single Cell 3' RNA PrepおよびDRAGEN Single Cell RNAパイプラインを使用して生成されたデータに対して最適化されており、データ品質管理のレポート作成、フィルタリング、正規化、次元削減、クラスタリング、細胞分類、発現差異、およびパスウェイ解析のためのツールを使用して、最大100万個の細胞のスケラブルな解析を可能にし、洞察を最大化します。Illumina Connected Multiomicsは、ユーザーが特定のサードパーティ製シングルセルRNAシーケンスプラットフォームからのデータを統合し、表現型メタデータで結果にアノテーション付けを行う機能を提供することで、より豊富な生物学的文脈を提供します。研究者は、比較解析のための細胞集団を統合するためのツールが組み込まれた、インタラクティブな2Dおよび3D可視化を用いて、複数のオミクスおよびモダリティを同時に探索することができます(図6)。

## 空間トランスクリプトミクス解析

空間トランスクリプトミクスを用いて、未処理の組織における遺伝子発現をプロファイルし、複雑な組織の空間的状況における細胞の挙動を明らかにすることができます。空間トランスクリプトミクスデータの解析は、シーケンスおよび画像診断法からの出力を統合する際に生成される高次元データが大量であるために困難な場合があります。Illumina Connected Multiomicsは、イルミナ空間テクノロジーから始まり、ハイスループットシーケンス、そして、リードのアライメント、空間座標のマッピング、機械学習による細胞のセグメント化、およびデータのクラスター化を行うDRAGEN Spatial Transcriptomeパイプラインを使用した二次解析へと続き、効率化されたワークフローの一部として、空間トランスクリプトミクスを実現します。その後、これらの結果はIllumina Connected Multiomicsを介してインタラクティブに探索されます。発現差解析、自動細胞分類、マーカー遺伝子同定、および論文投稿可能な可視化による生物学的解釈に特化したツール(図7)により、組織構造と遺伝子発現についてより深い洞察を明らかにすることができます。



図6：最先端のツールと可視化を使用した、シングルセルRNAシーケンスアッセイからの複数サンプルの同時解析

Illumina Connected Multiomicsからの出力例。(A) PCA, UMAP投影, および細胞タイピングを3Dプロットで可視化し, すべてのプロットで強調表示された細胞型を示す同期化した棒グラフと, 細胞型間の発現差異による潜在的バイオマーカーの同定, (B) シングルセルデータセット内で複数のモダリティの同時探索を可能にする, 細胞を分離または統合したビュー, (C) UMIカウント, 検出遺伝子, またはミトコンドリアおよびリボソームカウントを使用したインタラクティブな細胞レベルのQCおよび細胞フィルタリング。UMAP: uniform manifold approximation and projection, UMI: 分子バーコード。

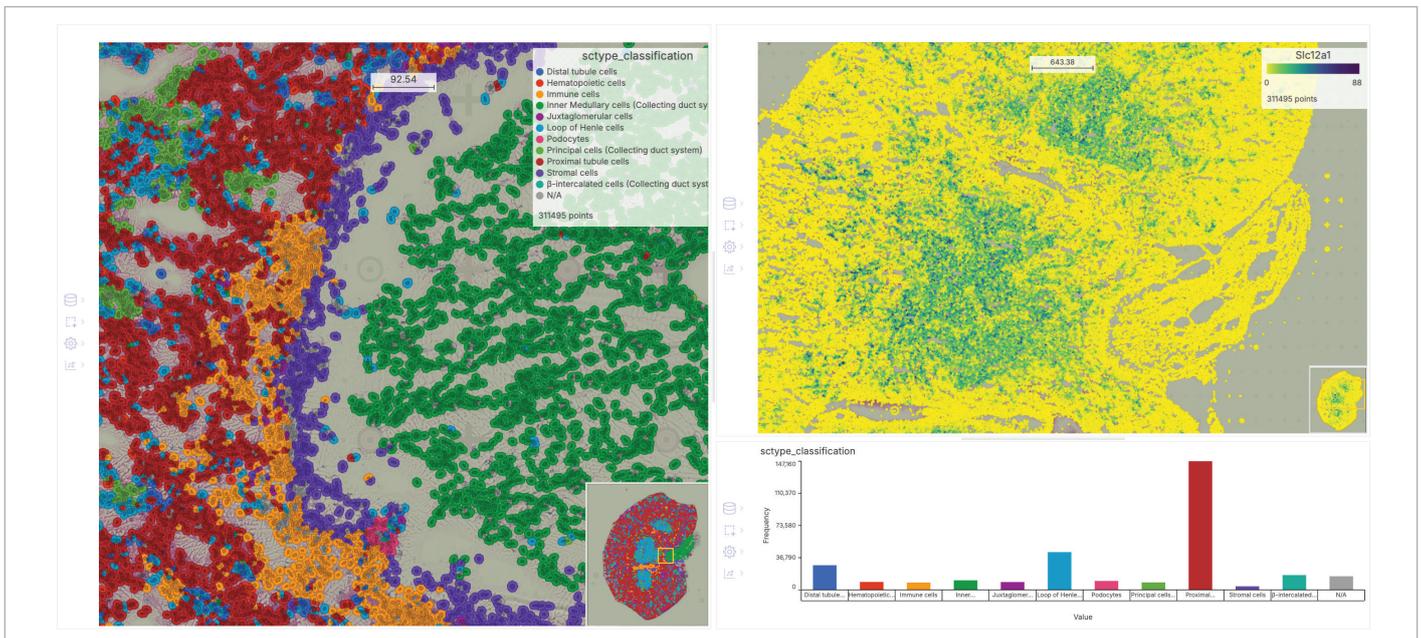


図7: 強力な解析と豊富な視覚化による未処理組織内の遺伝子発現の解明

Illumina Connected Multiomicsからの出力例。組織構造を明らかにする空間的細胞タイピングと、同定された細胞型に関連するバイオマーカーの遺伝子発現。棒グラフは、組織で同定されたすべての細胞型の相対的な存在量を示しています。

## 柔軟で拡張性のあるワークフロー

Illumina Connected Multiomicsは、小規模なパイロット実験と大規模なマルチモーダル研究の両方に対応するように構築されています。このプラットフォームは柔軟であり、データのインポート、集計、アノテーションを効率化する事前設定されたワークフローとカスタマイズ可能なワークフローの両方を備えており、ラボは包括的な研究を管理することができます。Illumina Connected Multiomicsに含まれる高度なインフォマティクスツール、スケーラブルなパフォーマンス、そしてエンドツーエンドのワークフローは、データのプライバシーとコンプライアンス基準を満たすように設計されたセキュリティファーストのインフラストラクチャー内で作業効率を向上させます。

## まとめ

ゲノミクス、トランスクリプトミクス、エピゲノミクス、プロテオミクスなどの相補的手法からの知見をマルチオミクスデータセットに統合することで、細胞機能のより包括的な像を得ることができるようになります。Illumina Connected Multiomicsは、NGSと大規模なマルチオミクスデータの解析を直感的かつ視覚的なユーザーインターフェースで効率的に行うことができる、使いやすいバイオインフォマティクスプラットフォームです。パワフルな統計アルゴリズム、情報豊富な視覚化、インタラクティブなインターフェース、最先端のゲノムツールにより、高度なインフォマティクスの専門知識を必要とせずに自信を持ってデータを解析できるようになります。

詳細はこちら →

[Illumina Connected Multiomics](#)

[DRAGEN二次解析](#)

製品情報

製品	カタログ番号
Illumina Connected Multiomics Basic License	20141940
Illumina Connected Multiomics Professional License—Trial	20141939
Illumina Connected Multiomics Professional License—Annual	20141942
Illumina Connected Multiomics Professional License—Monthly	20156707

## イルミナ株式会社

〒108-0014 東京都港区芝 5-36-7 三田ベルジュビル 22階  
Tel (03) 4578-2800 Fax (03) 4578-2810  
jp.illumina.com

 [www.facebook.com/illuminakk](https://www.facebook.com/illuminakk)

販売店

本製品の使用目的は研究に限定されます。診断での使用はできません。 販売条件 : [jp.illumina.com/tc](https://jp.illumina.com/tc)

© 2026 Illumina, Inc. All rights reserved.  
すべての商標および登録商標は、Illumina, Inc. または各所有者に帰属します。  
商標および登録商標の詳細は [jp.illumina.com/company/legal.html](https://jp.illumina.com/company/legal.html) をご覧ください。  
予告なしに仕様および希望販売価格を変更する場合があります。

