

IPA with Advanced Analytics

Omics 접근법으로 생물학적 연결고리를 이해



KEY FEATURES

- Biomarker discovery
- Drug mechanism of action and toxicity
- Target identification and validation
- Building interactive models of experimental systems
- User-friendly visualization tools
- Disease mechanisms

Interpretation of omics data

QIAGEN Ingenuity® Pathway Analysis (QIAGEN IPA)는 전사체, 대사체, 단백질체 및 소규모 시험 등 omics 실험에서 파생되어 생성된 유전자나 화학 물질 리스트들의 데이터 분석, 통합 및 해석을 위한 웹 기반의 소프트웨어 응용 프로그램입니다. 강력한 예측 기능으로 보유하고 있는 데이터의 중요성을 밝히고 생물학적 시스템의 맥락 내에서 새로운 표적이나 바이오마커 후보를 식별할 수 있습니다.

Application

Biomarker discovery

주요 생물학적 특징을 기반으로 바이오마커의 후보군을 검색하고, 관심 있는 질병이나 표현형의 마커가 관련된 메커니즘을 설명합니다.

Metabolomics

중요한 생물학적 맥락을 활용하여 대사체 데이터 분석의 문제를 극복하고 대사체 목록에서 영향을 받는 세포 기능을 추론합니다.

miRNA research

miRBASE, TargetScan, QIAGEN 지식베이스를 기반으로 mRNA 타겟이나 유전자 발현 패턴을 조절하는 miRNA를 예측합니다.

NGS/RNA-seq data analysis

통합적인 통계 분석과 발현되는 isoform을 빠르게 식별할 수 있는 간소화된 분석 도구를 제공합니다.

Proteomics and phosphoproteomics

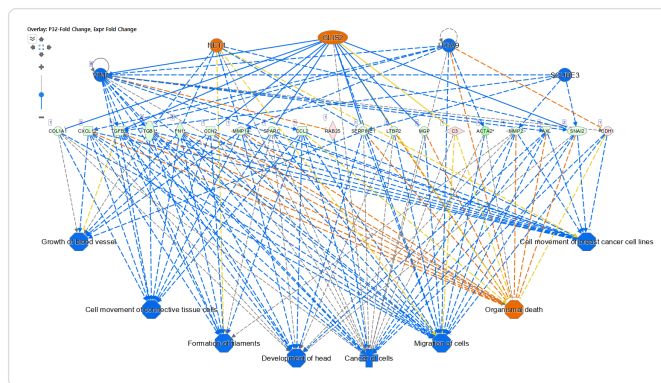
복잡한 단백질체 데이터와 연관된 메커니즘을 발견하고, 조절 인자를 규명하거나 하류 또는 질병에 영향을 미칠 수 있는 요인을 예측합니다.

Toxicogenomics

후보 화합물들의 핵심 독성 및 안정성 평가를 생성하고 약리학적 반응과 독성 및 작용에 대한 약리학적 반응 메커니즘을 이해할 수 있습니다.

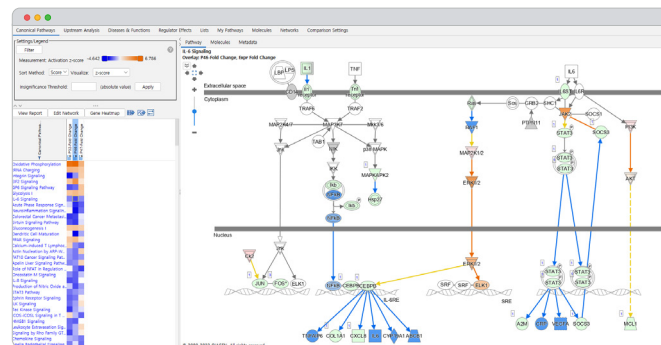
Unlock insights & develop novel hypotheses

IPA의 Core Analysis는 데이터세트와 연관된 관계, 메커니즘, 기능과 pathway를 빠르게 식별할 수 있습니다. Upstream analysis는 유전자 발현의 변화를 일으키는 miRNA, 전사인자, 화학 물질을 예측합니다. Disease & Functions 분석은 업로드한 데이터를 기반으로 질병, 독성 물질 및 하위 생물학적 기능의 향상 및 감소를 예측합니다. 상위 및 하위의 광범위한 분석 결과를 통해 서로 이어지는 가설을 세울 수 있습니다. 이 결과들은 heatmap 및 상호작용형 pathway 그래픽을 사용하여 전반적인 유사성과 특징을 빠르게 비교할 수 있습니다.



Explore potential hypotheses to interrogate subnetworks and canonical pathways

Molecule Activity Predictor(MAP)는 하위 네트워크 및 canonical pathway에서 상향 또는 하향 조절되는 것으로 추정되는 molecule들을 표시하여 방향성과 조절 양상을 포괄적으로 예측할 수 있습니다. 각 데이터세트 간의 비교 분석을 통해 특정 pathway나 유전자의 발현 양상의 차이도 쉽게 확인할 수 있습니다.



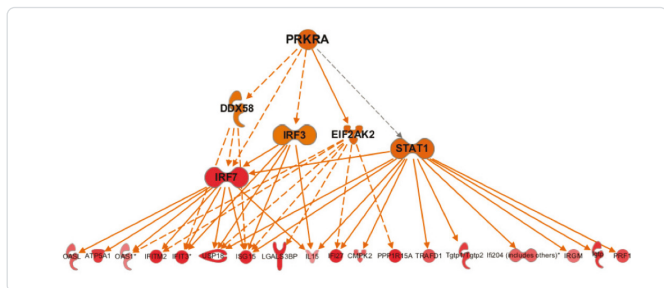
IPA with Advanced Analytics

Omics 접근법으로 생물학적 연결고리를 이해



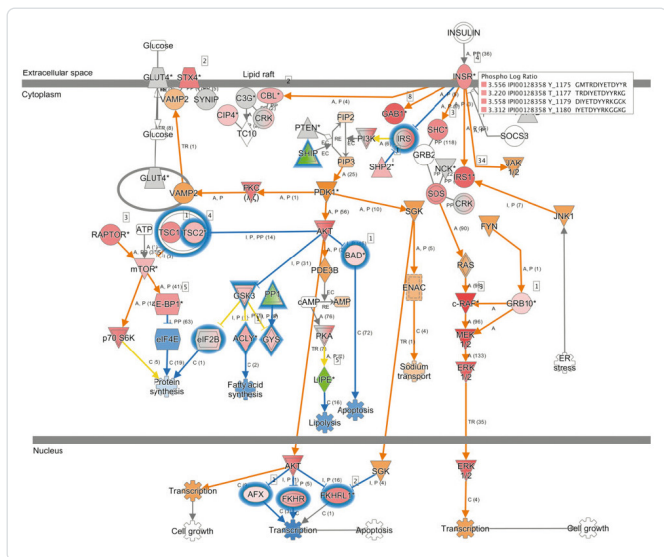
Generate informed hypotheses about causality

Causal network analysis는 데이터세트에 직접 연결되지 않은 조절자를 포함하도록 상위 분석을 확장하여 단단계 네트워크를 생성해서 단순 이웃 관계를 넘어서는 추가적인 인과 관계를 밝힙니다.



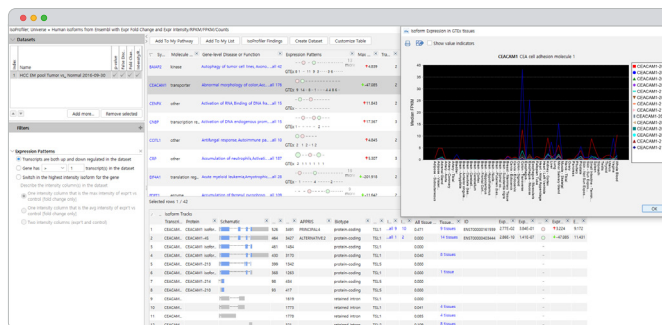
Cause and effect for phosphoproteomics and metabolomics

단백질의 인산화 상태 변화는 포유동물 세포에서 중요한 조절 메커니즘을 제공합니다. QIAGEN IPA는 인산화 및 세포 내 산물 농도의 변화에 대한 원인과 영향에 대해 어떤 상류 조절자가 활성화 또는 억제되어 나타나는지 이해하는 것을 돕습니다. 또한 하위의 생물학적 과정, 질병 및 canonical pathway에 대한 영향을 시각화하여 실험할 수 있는 가설을 제공합니다.



RNA-seq support with BioProfiler and IsoProfiler

BioProfiler는 특정 질병과 표현형을 일으키는 요인을 빠르게 탐색하고, 치료제와 독성의 대상 뿐만 아니라, 약물과 바이오 마커를 식별하는 데 도움을 줄 수 있습니다. IsoProfiler는 연구와 관련된 흥미로운 생물학적 특성을 가진 isoform을 식별하고 우선순위를 지정하는 데 도움이 됩니다. isoform 전환과 같은 비정상적인 발현 패턴이나 알려진 질병이나 기능을 가진 RNA 전사체를 가진 유전자를 찾습니다. 또한 통합된 GTEx 발현 데이터를 사용하여 알려진 조직 특이적 발현을 가진 전사체를 식별할 수 있습니다.



Build custom pathways and gene or chemical list libraries

기존의 IPA 네트워크 또는 canonical pathway의 유전자 리스트에 대상 리스트와 바이오마커, XGMML, BioPax, SBML, GPML을 통해 업로드된 pathway를 추가하여 custom pathway를 만들 수 있습니다. 또한 아래와 같은 pathway를 구축할 수 있습니다.

- miRNA-mRNA target networks
- Transcriptional networks
- Phosphorylation cascades
- Protein-protein or protein-promoter interaction networks
- Chemical/drug effects on proteins

