

IPA with Analysis Match

Omics 접근법으로 생물학적 연결고리를 이해하고 공개 데이터를 이용한 검증 및 통합



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

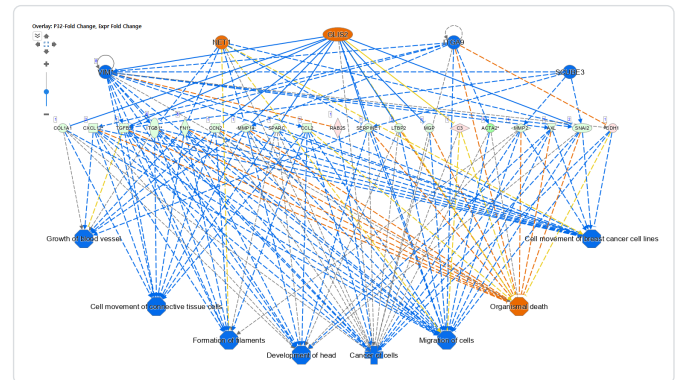
복잡한 단백질체 데이터와 연관된 메커니즘을 발견하고, 조절 인자를 규명하거나 하류 또는 질병에 영향을 미칠 수 있는 요인을 예측합니다.

Toxicogenomics

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

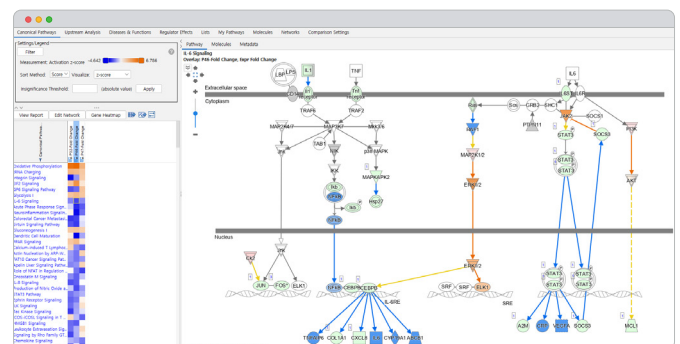
Unlock insights & develop novel hypotheses

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.



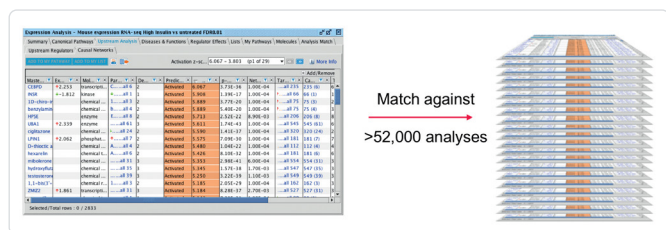
IPA with Analysis Match

Omics 접근법으로 생물학적 연결고리를 이해하고 공개 데이터를 이용한 검증 및 통합



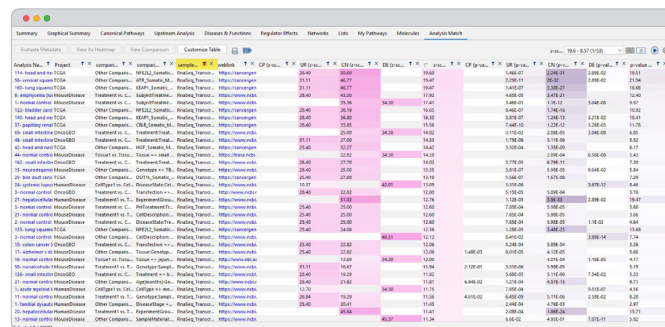
"Analysis-to-Analysis" provides unexpected insights into underlying shared biological mechanisms

Analysis Match는 보유 중인 분석 결과와 유사하거나 반대의 생물학적 결과를 가진 다른 공개된 IPA Core Analysis 들을 자동으로 검색하여 결과 해석이 올바르게 되었는지 확인하는 것을 돕습니다. 또한 다른 데이터와의 분석 대 분석의 비교를 통해 생물학적 메커니즘에 대해 예상하지 못한 통찰력을 제공할 수 있습니다.



Create comparison and signature matching

Analysis Match 기능에서는 액세스 권한이 있는 다른 분석과 현재 확인 중인 분석 결과의 순위를 매기는 표가 채워집니다. 가장 유사한 것부터 가장 덜 유사한 것까지 순위가 매겨지며 전반적인 유사성 점수를 기반으로 하며, 각각의 세부 분석 결과를 독립적으로 사용하여 일치도를 계산합니다.



The OmicSoft dataset and analysis repository in IPA

Analysis Match에서 사용되는 공개 데이터는 GEO, TCGA, SRA 등에 있는 31만 개 이상의 개별 샘플을 재가공하여 총 52,000개 이상의 IPA 분석 결과로 만들어낸 것입니다. 세부적인 데이터셋에 대한 방대한 정보를 확인해보세요.

DiseaseLand	OncoLand	Normal Cells & Tissues
HumanDisease (28,574) 631 diseases 359 tissues 72 expression platforms 8,242 RNA-seq datasets	OncoGeo (11,692) 216 cancer types 111 tissues 58 expression platforms 4,281 RNA-seq datasets	GTEX (52) 52 tissues
MouseDisease (21,912) 402 diseases 264 tissues 57 expression platforms 12,385 RNA-seq datasets	TCGA (4,438) 33 cancer types 27 tissues 366 different mutational statuses / clinical signs	
RatDisease (7,900) 58 diseases 86 tissues 1,927 RNA-seq datasets	Pediatrics (444) 47 cancers 23 tissues	
LINCS (28,234) 23 cell lines 374 chemical treatments or gene overexpression 226 different targets (or groups of target genes)	OncoMouse (1,054) 49 cancer types 37 tissues 21 expression platforms 351 RNA-seq datasets	
	Hematology (4,267) 66 cancer types 20 tissue types 99 cell types 1,148 RNA-seq datasets	
	Metastatic Cancer (81) 27 cancer types 18 tissues	

