

# IPA with Analysis Match

생물학적 연결고리의 전략적 해석: AI를 활용한 글로벌 공개 데이터베이스 기반의 통찰력 검증



## KEY FEATURES

- AI-powered insight generation
- Biomarker discovery
- Signature matching
- Causal-Driven target validation
- Advanced multi-omics integration
- Disease mechanisms & Predictive drug action / Tox

## Analyze, compare and contextualize complex omics data

QIAGEN Ingenuity® Pathway Analysis (QIAGEN IPA)는 RNA-seq, 마이크로어레이, SNP 어레이, 단백질체, 대사체 등 다양한 오믹스 및 유전자 목록 데이터를 분석하고, 유전자·단백질·질량·약물 정보를 통합적으로 탐색할 수 있는 클라우드 기반 분석 플랫폼입니다. AI 기반의 IPA Interpret 기술을 통해 수백만 개의 고품질 학술 데이터를 즉각적으로 분석하며, 복잡한 다중 오믹스 데이터 내 핵심 바이오마커와 신규 표적을 정밀하게 식별하고 그 생물학적 기전을 규명할 수 있습니다.

## Supported application

### RNA-seq data (bulk, miRNA, scRNA)

유전자부터 isoform 수준까지 RNA-seq 데이터를 종합적으로 분석·시각화하여, 데이터와 관련된 생물학적 메커니즘을 체계적으로 설명합니다.

### Multi-omics (Transcriptomics, Proteomics, Metabolomics)

다양한 오믹스 데이터를 통합 분석하여 분자 수준의 변화를 생물학적 경로 및 네트워크와 연결하고, 생물학적 시스템 수준의 이해를 제공합니다.

### Biomarker discovery

질환 관련 경로 또는 생물학적 과정에서 바이오마커 후보를 분석하고, AI가 분석 결과 해석을 지원하여 마커의 잠재적 작용 기전을 파악할 수 있습니다.

### Curated knowledge base

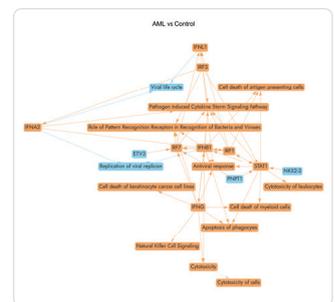
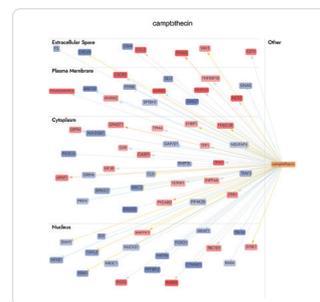
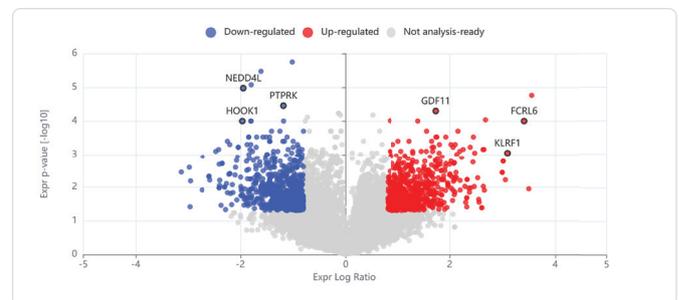
25년 이상 축적된 전문가 큐레이션 연구 결과와 25만 개 이상의 공개 오믹스 데이터 세트를 기반으로, 신뢰도 높은 비교 분석을 제공합니다.

### Causal & Upstream analysis

복잡한 오믹스 데이터와 QIAGEN 지식베이스를 활용한 인과 네트워크 분석으로, 생물학적 변화의 원인과 활성·억제 방향성을 예측합니다.

## AI-powered interpretation: Accelerating discovery with advanced intelligence

IPA® Interpret는 브라우저 기반의 애플리케이션으로 거대언어모델(LLM)을 활용하여 Core Analysis 결과에 대한 읽기 쉬운 개요를 'AI-suggested' 요약문으로 자동 생성하고, 시각적 그래픽 요소들로 전환해 분석 결과를 효율적으로 사용하고 공유할 수 있도록 지원합니다.



**ITK-Mediated Coordination of Cytotoxic Immune Effector**

**Functions** AI-Suggested

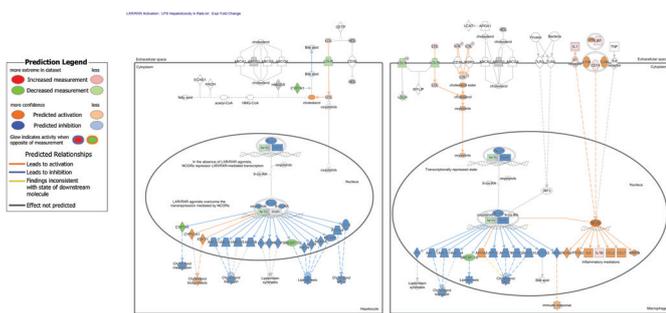
**Regulation of Cytotoxic Lymphocyte Function**

The network centers on ITK, a kinase crucial for T-cell and natural killer (NK) cell signaling. Its positive influence on GZMB, PRF1, FASLG, IFNG, and NCR1 suggests promotion of genes involved in cytotoxicity, apoptosis induction, and interferon gamma production, all hallmark effector functions of cytotoxic lymphocytes (e.g., CD8+ T cells, NK cells).

## Unlock insights & Develop novel hypotheses

IPA의 Core Analysis는 QIAGEN Knowledge Base를 바탕으로 데이터 세트와 연관된 분자 간 상호작용, 생물학적 메커니즘 및 주요 Pathway를 빠르게 식별할 수 있습니다.

Upstream Analysis에서는 유전자 발현 변화를 유도하는 핵심 상위 조절 인자(miRNA, Transcription factor, chemical 등)를 예측합니다. Downstream Analysis는 업로드된 오믹스 데이터를 기반으로 관련 질병, 독성 영향 및 하위 생물학적 기능의 증가 및 감소 여부를 예측합니다. 상위 원인 분석과 하위 표현형 예측을 유기적으로 연결함으로써, 분자 수준에서 개체 수준에 이르는 통합적인 생물학적 가설 수립을 지원합니다. 분석 결과는 Pathway Diagram, Networks로 시각화하여, 연구자가 직접 데이터 간 전반적인 유사성과 공유 시그니처를 비교 분석하고, 연구의 객관적 근거를 확보할 수 있습니다.



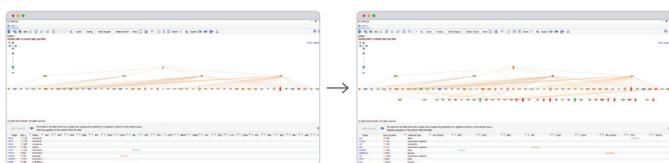
# IPA with Analysis Match

생물학적 연결고리의 전략적 해석: AI를 활용한 글로벌 공개 데이터베이스 기반의 통찰력 검증



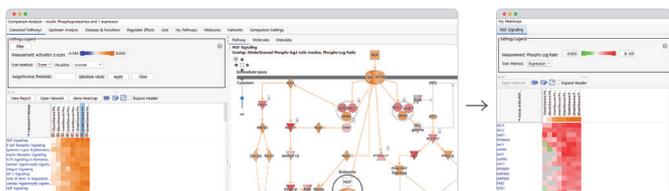
## From data to biological mechanisms: Advanced causal network insights

Upstream Regulator Analysis는 단순한 상위 인자 예측을 넘어, 상위 조절 인자의 활성화(Activation) 또는 억제(Inhibition) 상태를 통계적으로 예측하여 유전자 발현 변화의 근본 원인을 추적합니다. Causal Network Analysis에서는 Master Regulators를 식별하여, 데이터를 하나의 인과관계 네트워크로 확장하고 복잡한 생물학적 기전을 파악할 수 있습니다.



## Unified multi-omics view: Completing the integrated biological linkage

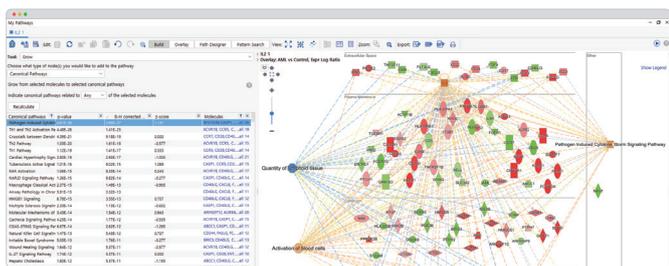
전사체, 단백질체, 대사체 데이터를 통합 분석하여 각 분자적 특징 간의 복잡한 상호작용과 연관성을 확인할 수 있습니다. 다중 오믹스 데이터 세트를 동시에 비교·대조하여 생물학적 예측 결과의 공통점과 차이점을 식별합니다. 특정 상위 조절 인자가 특정 질환군에서만 활성화되는지, 혹은 약물 투여량에 따라 기전이 어떻게 변화하는지 직관적으로 파악할 수 있습니다.



## Visualize & Predict: Interactive hypothesis testing and network modeling

Molecule Activity Predictor(MAP)는 특정 분자의 활성화(Activation) 또는 억제(Inhibition) 상태가 전체 경로와 네트워크에 미치는 영향을 실시간으로 시뮬레이션하는 지능형 예측 도구입니다.

축적된 QIAGEN Knowledge Base를 바탕으로, 인접한 분자 간의 상관관계를 계산하여 예측 결과를 도출합니다. Build Tool - "Grow" 기능은 현재 네트워크에 포함된 분자들의 발현 방향에 따라, 새롭게 확장될 Canonical Pathway나 조절 인자들이 어떤 상태로 변화할지 Z-score를 통해 즉각적으로 예측해 줍니다.



## Data-Enhanced discovery: Leveraging the world's largest curated omics repository

QIAGEN IPA는 전문 인력(MD 및 PhD)이 수동 큐레이션한 Ingenuity Knowledge Base와 세계 최대 규모의 OmicSoft 공공 데이터 저장소를 기반으로 합니다. 1,470만 건 이상의 생물학적 기전을 바탕으로, 단순한 상관관계를 넘어선 정밀한 인과관계 분석 결과를 제공합니다. 5만 건 이상의 학술 인용이 증명하듯, IPA의 데이터는 전 세계 연구자들에게 신뢰받는 표준 지표입니다. 25만 개 이상의 공공 데이터 세트와 80만 개 이상의 방대한 생물학적 샘플 정보를 자유롭게 탐색할 수 있습니다. SRA, GEO, TCGA 등의 Raw Data를 OmicSoft 전용 파이프라인으로 재가공하여, 서로 다른 실험 환경에서 도출된 데이터도 일관성 있게 상호 비교할 수 있습니다.

220,254 datasets from OmicSoft in total. Change in this release: All datasets (Except LINCS) are filtered to FDR<0.01

Land	Repository	Datasets
DiseaseLand	HumanDisease	24,735
	LINCS	25,880
	MouseDisease	22,289
Oncoland	RatDisease	6,983
	ClinicalProteomicTumor	2,489
	ENCODE RNA Binding	459
	NCI Patient-Derived Models	512
	OncoHuman	16,311
Single Cell Land	OncoMouse	1,051
	TCGA	2,897
	SingleCellHuman	177
	SingleCellHumanUmi	86,283
Normal Cells and Tissues	SingleCellMouse	78
	SingleCellMouseUmi	28,852
	Human Tissues (GTEx)	1,258

## Benchmarking global insights: Validating your data with proven research

Analysis Match는 사용자의 실험 결과와 QIAGEN OmicSoft 데이터 세트를 실시간으로 비교하여 연구의 타당성을 검증하고 새로운 통찰력을 제공합니다.

### 자동화된 분석 간 비교(Analysis-to-analysis matching)

사용자의 데이터와 유사하거나 상반된 생물학적 패턴을 가진 공공 연구 사례를 자동으로 검색합니다. 이를 통해 연구자의 결과 해석을 객관적으로 검증하고, 예상치 못한 공통의 생물학적 기전을 발견할 수 있습니다.

### 통계적 유사성 기반 정렬

Canonical Pathways, Upstream Regulators 등 핵심 지표별로 계산된 Z-score를 바탕으로, 현재 연구와 가장 연관성이 높은 공개 데이터들을 신뢰도 순으로 정렬하여 제시합니다.

