

## IPA 進階功能模組介紹

QIAGEN Ingenuity Pathway Analysis 生物路徑分析軟體包含可信的資料來源及分析演算法，為目前全球系統生物學與訊息路徑分析領導品牌。因應日趨複雜的生物作用類型以及更大量的體學數據量分析，QIAGEN 推出了“IPA 進階功能模組”以面對下一階段的訊息路徑分析需求。IPA 進階功能模組包括 Causal Network Analysis、BioProfiler、IsoProfiler、Relationship Export、Analysis Match 及 Phosphoproteomics Analysis，延伸的工具組旨在幫助您能更快速且精準的了解疾病、基因和訊息網絡之間的因果聯繫。

進階模組中，包含兩種不同的 Profiler 工具，針對複雜且資訊豐富的生物分子，使用 Profiler 工具可在短時間內將不同的生物分子依照不同性質分類篩選，其中 **IsoProfiler** 即可用於變異體分析(IsoProfiler Analysis)。通過簡單的條件設定，我們能夠找出與特定 Isoform 相關之疾病；或了解在實驗組及對照組，各種 Isoform 在不同資料組別之中是否有相似或相異的表現結果。除此之外，IsoProfiler 同時整合了 GTEx 來自超過 9800 組捐贈者資料，藉此統計出各種 Isoform 於 51 種組織的表現量分佈，讓我們在實驗後快速了解是否有特定的 Isoform 具有明顯的表現值差異。結束 IsoProfiler 分析之後，IPA 也提供 IsoProfiler finding，讓您對特定之 Isoform 有更詳細的了解。IsoProfiler finding 不僅詳細記誌了各基因資訊，也能透過簡單的頁面及操作方式，根據特定 Isoform 進行特性篩選。

另一方面，**Bioprofiler** 在功能使用上像是大型的生物分子特性篩選濾網，可協助使用者在短時間內依照需求將生物分子分類。Bioprofiler 將 QIAGEN Knowledge Base 所記載有關生物分子的資訊以互動式的表格呈現，包含各式不同的特性，如：表達量的改變方式、與分子相關的疾病，分子在細胞中的位置...等，藉由選取特定性質篩選，可將資料內具相同性質的分子篩選出來，之後可透過 Build Pathway 或是 Analysis 工具來了解分子聯繫的關係，以達到新的發現與假說建立。

針對蛋白質體轉錄後修飾作用類型，進階模組也包含了**磷酸化蛋白分析** (Phosphoproteomics Analysis)功能。透過磷酸化蛋白分析，我們可以瞭解在細胞或生物體受到磷酸化變化及刺激時時，會有那些分子調控路徑被激活，並影響下游之疾病及上游分子表現。IPA 在分子顯示上以顏色標誌方式來表示磷酸化後文獻支持的蛋白質表現，配合磷酸化位點資訊比較，使用者可以了解磷酸化後在特定生物機制下細胞可能調控及參與的分子路徑，也可搭配原有的 Core Analysis，比較磷酸化前後生物路徑表現的差異。

**因果網絡分析 Causal Network Analysis (CNA)**。過往的 IPA Core Analysis 中，使用者需自行尋找或者建立特定分子、疾病或者細胞功能與分析結果的關聯程度。現在透過進階模組中的 CNA 功能，使用者可於 IPA core analysis 分析前，先輸入感興趣的分子、疾病或者細胞功能，以瞭解這些目標在 Dataset 之分子聯繫方式。IPA 可以透過 CNA 功能，抓取基因表達的上游分子與您有興趣之目標之間的關聯，並深入提供支持這些關係的證據。此外，IPA 還能統計路徑的分子數量，顯示其餘的調控因子提供您做更進一步的關係預測。透過 CNA 功能，您可以著重在興趣分子與上游調控因子之間的關係聯繫，進一步了解在生物體中相關的調控機制與分子聯繫關係。

**Relationship Export** 則是 IPA 在數據輸出上新增的小功能。現在您可以透過 IPA 建立分子網絡後，在檔案輸出上，除原先能提供的分子清單與圖片外，現在也能以文字化的方式，將分子間的作用關係一一列出，讓您可以有額外的方式去了解分子路徑中的調控方式；另外您也可以將輸出結果以視覺化軟體 Cytoscape 呈現。IPA Relationship Export 提供您更多的分子調控關係輸出與表達方式，讓您可以更彈性的利用 IPA 產出之分子數據。

在最新版本的進階模組中，IPA 提供了**分析匹配(Analysis Match)**功能，使用者可將分析結果與過去的分析資料進行比對，透過 Z-Score 量化不同的分析在 Canonical Pathway/Upstream Analysis/Downstream Effect/Network Analysis 四種分析類型中的相似與相異程度。除此之外，本次試用也為中研院的使用者開通 QIAGEN 最新的體學解決方案-OmicSoft 資料庫，提供 OmicSoft 8100 多筆已分析完成之 dataset 結果，使用者可比較實驗資料與 TCGA、不同的癌症類型、疾病類型捐贈者與實驗組的相似關係度。Analysis match 為您找出最相似至最不相似之實驗分析結果。在 OmicSoft 大量數據的比較結果中，您可以為自己的假說建立更多信心來源，或是根據他人的實驗結果發現意料外的可能結果。利用 Analysis match，我們可以深入了解您實驗結果的生物學機制，並根據大量共享數據所獲取的資訊建立假說與全新的實驗見解。

本次 IPA 進階功能在中研院全院全面性開放試用，期限至 2018/06/30，創源生技提供各位使用上的問題處理及教學，煩請中研院各方研究學者多加利用。另外我們也在中央研究院生命科學圖書館中的教育訓練課程中，有更詳細的[功能內容說明](#)及[線上課程 case study](#)，題目為【利用 IPA 進階功能模組於多體學分析之應用】，再請各位多加利用。若有任何使用上的問題也請不吝提出，聯繫窗口：02-2795-1777 ext.3027 蔡宜庭專員 0970-592-093，或是寄信至 [clairtsai@gga.asia](mailto:clairtsai@gga.asia)，我們會盡速為您解決任何使用上的問題。