

# Correlation Engine

Schnellere Gewinnung  
biologischer Erkenntnisse  
aus genomischen Daten

- Umfassendes Tool zur Bestimmung des biologischen Kontexts anhand einer ständig wachsenden Bibliothek kuratierter Datensätze
- Anwenderfreundliche grafische Benutzeroberfläche
- Proprietärer Algorithmus zur Automatisierung und Vereinfachung der Korrelationsanalyse

## Einleitung

Alle Wissenschaftler müssen die Ergebnisse ihrer Versuche in den jeweiligen biologischen Kontext einordnen. Dies erfolgt häufig mittels Literaturrecherchen über PubMed, Google oder signalwegbasierte Tools. Der Nachteil dieser Verfahren ist, dass in wissenschaftlichen Artikeln nur ein kleiner Prozentsatz der Daten enthalten ist.

Daher hat Illumina Correlation Engine entwickelt, eine der weltweit größten biologischen Datenbanken. Über ein Jahrzehnt lang hat Illumina Rohdaten aus Genomstudien kuratiert und diese plattformübergreifend normalisiert sowie in Correlation Engine erfasst. Daher erfasst Correlation Engine routinemäßig Hunderte bis Tausende von Studien zu Tausenden von Genen, für die sich in

PubMed nur wenige oder keine Suchergebnisse finden lassen. Correlation Engine bietet Forschern im Bereich der Biowissenschaften beispiellosen Zugang zu einer Vielzahl hochwertiger Genomanalysen und aufschlussreicher wissenschaftlicher Tools (d. h. Body Atlas, Disease Atlas, Pharmaco Atlas, Knockdown Atlas, Genetic Markers, Meta-analysis).

Über eine einfache, intuitive grafische Benutzeroberfläche (Abbildung 1), die fortlaufend um neue Inhalte erweitert wird, können Forscher neue Korrelationen einfach und effizient identifizieren. Da die Analyse datengestützt erfolgt, ist es wahrscheinlicher, dass Wissenschaftler neue Assoziationen entdecken und Ergebnisse ermitteln, die bei einer einfachen Literaturrecherche übersehen würden.

The screenshot displays the Correlation Engine 2.0 interface. At the top, there is a navigation bar with 'BaseSpace CORRELATION ENGINE-PUBLIC' and user options like 'Interactive Help', 'Sign In', and 'Register'. Below this is a search bar containing 'TOP2A' and a 'QuickView' button. The main content area is titled 'QuickView for TOP2A (gene)' and features a 'SUMMARY' tab. The interface is organized into four primary data panels:

- Body Atlas:** Lists 'Most Correlated Tissues' including Thymus gland, Hematopoietic stem cell of bone marrow, Testes, Bone marrow, and Granulocyte-macrophage progenitor cell of bone marrow.
- Disease Atlas:** Lists 'Most Correlated Diseases' including Vesicular stomatitis Indiana virus disease, Epstein-Barr virus disease, Brain cancer, Bacterial septicemia, and Injury of liver.
- Pharmaco Atlas:** Lists 'Most Correlated Compounds' including Teniposide, Amsacrine, Razoxane, valrubicin, and Idarubicin.
- Knockdown Atlas:** Lists 'Most Correlated Gene Perturbations' including MIR103A2, EGD, GNAS, COL7A1, and MALAT1.

Each panel includes a link to 'Explore [Atlas Name] Results'. A 'Curated Studies' section is located at the bottom of the main content area. The left sidebar contains navigation links for Home, My Data, Bookmarks, Collaborations, and Inbox, along with an 'Import Your Data' button and a 'QuickView FAQ' section.

Abbildung 1: Die Benutzeroberfläche von Correlation Engine ermöglicht Abfragen für zahlreiche Assoziationstypen: Neue Korrelationen und Assoziationen werden für eine bestimmte Abfrage schnell identifiziert und zeigen datengestützt Zusammenhänge unter Berücksichtigung von Genen, Krankheiten, Verbindungen, Geweben, Signalwegen und Literatur.

## Umfassende Plattform

Adaptive Lernprozesse nutzen wöchentlich aktualisierte Inhalte aus öffentlich zugänglichen und proprietären Daten. Correlation Engine berechnet nach Rang eingestufte Assoziationswerte für Gewebe, Erkrankungen, Verbindungen und genetische Störungen. Die Inhalte werden mithilfe von akkreditierten Ontologien standardisiert, um so eine Plattform mit genomischen Studien zu erstellen, die mehr als 10.000 Krankheits-/Phänotyp-, Gewebe- und Verbindungskonzepte abdecken.

In die Ergebnisse werden genomische Studien zu vielen Bereichen einbezogen, darunter mRNA-Expression, miRNA-Expression, somatische Mutationen, Kopienzahländerungen, DNA-Methylierung, Protein-DNA-Bindung, Histonmodifikationen und genomweite Assoziationsstudien (GWAS). Dank rangbasierter Anreicherungsalgorithmen kann das Framework unabhängig von der Technologieplattform genutzt werden, auf der die genomischen Daten generiert wurden. Dies ermöglicht die übergreifende Analyse von Daten, die mithilfe verschiedener Methoden, z. B. Sequenzierung der nächsten Generation (NGS, Next-Generation Sequencing) und Microarrays, generiert wurden.

Die Plattform nutzt Interspezies-Vergleiche, da das Framework über integriertes Orthologie-Mapping für 13 Spezies verfügt (Abbildung 2). Durch den Vergleich von Daten können Forscher aus anhand von Human-, Maus-, Ratten- und anderen Modellorganismen gewonnenen Versuchsergebnissen Informationen zum biologischen Kontext ableiten.

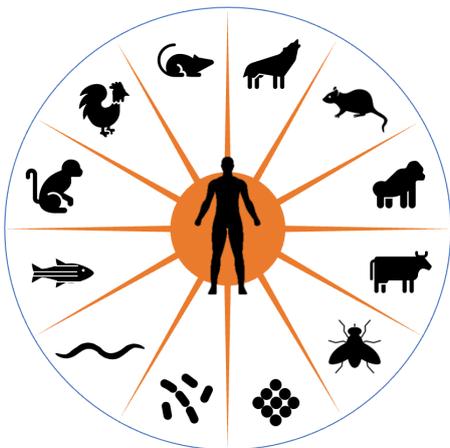


Abbildung 2: Correlation Engine mappt Orthologie-Daten für 13 Spezies: Genomische Inhalte werden in Correlation Engine nach Namen orthologer Gene, Synonymen und Funktionen aus NGS- und Arraystudien durchsucht, wodurch sich umfassende Ergebnisse gewinnen lassen.

## Krankheitsmechanismen

Durch den Vergleich von Krankheitsprofilen über Tiermodelle, Kohorten und Krankheitsstadien hinweg ermöglicht Correlation Engine Anwendern die studien- und datentypübergreifende Bewertung von Signalwegen, die bei der Krankheitsentwicklung eine wichtige Rolle spielen. Correlation Engine umfasst mehr als 135.000 Analysen, die aus der standardisierten Verarbeitung von mehr als 22.000 Genomstudien abgeleitet wurden, die eine Vielzahl von Erkrankungen umfassen (Abbildung 3) und aus wichtigen öffentlichen Repositories wie Gene Expression Omnibus (GEO), Array Express, European Molecular Biology Laboratory (EMBL), Stanford Microarray Database (SMD), Encyclopedia of DNA Elements (ENCODE), Cancer Cell Line Encyclopedia (CCLE), dem GenotypeTissue Expression (GTEx)-Projekt und vielen mehr stammen.

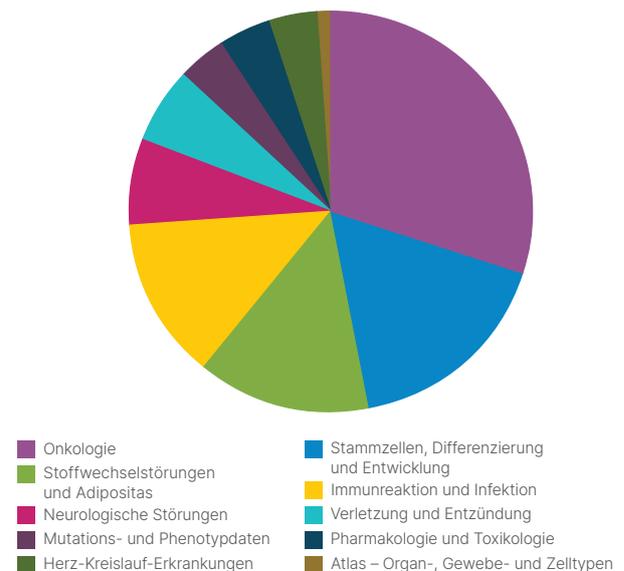


Abbildung 3: Für Correlation Engine wurden genomische Studien nach Krankheitsgebiet kuratiert: Die Correlation Engine-Inhalte stützen sich auf mehr als 135.000 Analysen, die mithilfe einer standardisierten Pipeline aus mehr als einer halben Million Proben abgeleitet wurden, und werden fortlaufend erweitert. Die datenbasierte Analyse ermöglicht die Bewertung und Validierung von Targets, die Erkennung von Biomarkern, die Repositionierung von Arzneimitteln und vieles mehr.

## Mechanismen der Genfunktion

Dank der Berücksichtigung von Milliarden von Datenpunkten, die fast 5.500 Krankheiten in wichtigen Krankheitsbereichen und fast 10.000 eindeutige genetische Störungen abdecken, ermöglicht es Correlation Engine Wissenschaftlern, Erkenntnisse darüber zu gewinnen, wo ein Gen im Body Atlas exprimiert wird und wie es funktioniert.

## Mechanismen der Arzneimittelwirkung

Correlation Engine umfasst mehr als 50.000 Analysen zu mehr als 4.500 Verbindungen. Forscher können proprietäre Kandidatenmoleküle für On-Target-Mechanismen und Toxizitätsprofile analysieren und die Profile mit denen anderer Verbindungen vergleichen.

## Von Daten zu Erkenntnissen

Correlation Engine ermöglicht neue Erkenntnisse, indem Milliarden von Datenpunkten aus standardisierten Analysen von Genomstudien abgefragt werden. Die in Correlation Engine verfügbaren öffentlichen Daten sind nur der Ausgangspunkt für den Erkenntnisgewinn. Anwender können ihre Daten sicher hochladen und sie intern oder im Vergleich zu öffentlich verfügbaren Daten analysieren. Inhaber von Unternehmenskonten können Ergebnisse innerhalb ihrer privaten Domäne teilen und mit den Ergebnissen in Metaanalyseanwendungen eindeutige Korrelationen generieren. Vertrauliche Daten sind nicht über Unternehmensdomänen hinweg zugänglich und die Ergebnisse werden in einer nach ISO27001, SOC1, SOC2, SOC3 und PCIDSS zertifizierten Umgebung sicher und geschützt gespeichert.

## Weitere Informationen

[Correlation Engine](#)

[Kostenlose Testversion](#)

## Bestellung

[Kontakt](#)

[Es sind spezielle Preise für akademische Einrichtungen verfügbar.](#)



1 800 8094566 (USA, gebührenfrei) | +1 858 2024566 (Tel. außerhalb der USA)  
techsupport@illumina.com | www.illumina.com

© 2024 Illumina, Inc. Alle Rechte vorbehalten. Alle Marken sind Eigentum von Illumina, Inc. bzw. der jeweiligen Inhaber. Spezifische Informationen zu Marken finden Sie unter [www.illumina.com/company/legal.html](http://www.illumina.com/company/legal.html).  
M-GL-02840 DEU v2.0