

# Correlation Engine

Estrazione più rapida di informazioni biologiche dai dati genomici

- Strumento completo per la determinazione del contesto biologico in base a una libreria in crescita di set di dati selezionati
- Interfaccia utente grafica di facile utilizzo
- Algoritmo proprietario che automatizza e semplifica l'analisi delle correlazioni

## Introduzione

I risultati degli esperimenti scientifici devono essere inseriti in un contesto biologico. Di norma, ciò avviene attraverso ricerche basate sulla letteratura, utilizzando strumenti PubMed, Google o basati su percorsi. Questi approcci presentano tuttavia uno svantaggio: solo una piccola percentuale dei dati è inclusa in un documento scientifico.

Per superare questa difficoltà, Illumina ha sviluppato Correlation Engine, uno dei più grandi database biologici al mondo. Per oltre un decennio, Illumina ha selezionato e gestito i dati non elaborati provenienti da studi sull'intero genoma, normalizzandoli su più piattaforme e acquisendoli in Correlation Engine. In questo modo, Correlation Engine riesce a identificare regolarmente da centinaia a migliaia di studi con migliaia di geni che

in PubMed restituiscono pochi risultati di ricerca o addirittura nessuno. Con Correlation Engine, i ricercatori delle scienze biologiche possono accedere, come mai prima, a un elevato numero di analisi di alta qualità condotte sull'intero genoma e a strumenti scientifici approfonditi, ad esempio, Body Atlas (atlante del corpo umano), Disease Atlas (atlante delle patologie), Pharmaco Atlas (atlante dei farmaci), Knockdown Atlas (atlante del knockdown genico), Genetic Markers (marcatori genomici), Meta-analysis (meta-analisi).

Un'interfaccia grafica semplice e intuitiva (Figura 1) sfrutta i contenuti in continua espansione e consente ai ricercatori di identificare nuove correlazioni con facilità ed efficienza. Essendo uno strumento basato sui dati, offre agli scienziati maggiori probabilità di scoprire nuove associazioni e di trovare risultati che potrebbero non essere rilevati con una semplice ricerca nella letteratura.

Figura 1: l'interfaccia utente di Correlation Engine consente di eseguire interrogazioni per numerosi tipi di associazioni. Le nuove correlazioni e associazioni per una determinata interrogazione vengono identificate rapidamente, rivelando collegamenti basati sui dati tra geni, malattie, composti, tessuti, percorsi e letteratura.

## Piattaforma completa

I processi di apprendimento adattivo sfruttano i contenuti aggiornati settimanalmente a partire da dati pubblici e proprietari. Correlation Engine calcola i punteggi di associazione classificati per tessuti, malattie, composti e perturbazioni genetiche. Il contenuto è standardizzato mediante ontologie accreditate per creare una piattaforma di studi genomici che copre più di 10.000 concetti di malattia/fenotipo, tessuto e composto.

Nei risultati sono inclusi molti tipi di studi genomici, come l'espressione dell'RNA messaggero (mRNA, messenger RNA), l'espressione dei microRNA (miRNA), le mutazioni somatiche, le variazioni del numero di copie, la metilazione del DNA, il legame proteina-DNA, le modifiche degli istoni e gli studi di associazione sull'intero genoma (GWAS, genome-wide association studies). Grazie agli algoritmi di arricchimento basati sulla classificazione, la struttura funziona indipendentemente dalle piattaforme tecnologiche impiegate per generare i dati genomici. Ciò consente l'analisi incrociata dei dati ottenuti con diversi metodi, come il sequenziamento di nuova generazione (NGS, next-generation sequencing) e i microarray.

La piattaforma permette di eseguire confronti tra specie differenti, poiché la relativa struttura dispone della mappatura integrata dei geni ortologhi di 13 specie (Figura 2). I ricercatori possono confrontare e utilizzare le informazioni per ricavare il contesto biologico dai risultati sperimentali di analisi eseguite su più organismi modello, ad esempio umani, murini, di ratto e così via.

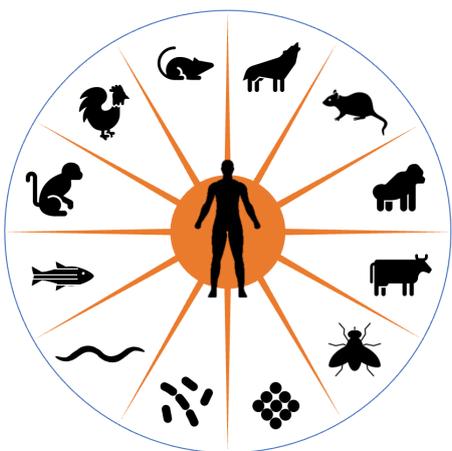


Figura 2: Correlation Engine mappa i dati relativi ai geni ortologhi di 13 specie. Per fornire risultati completi, il contenuto genomico in Correlation Engine viene ricercato per nomi di geni ortologhi, sinonimi e caratteristiche nel contesto di studi NGS e di array.

## Meccanismi della malattia

Confrontando i profili patologici di diversi modelli animali, coorti e stadi della malattia, Correlation Engine consente agli utenti di valutare i percorsi che hanno un ruolo significativo nello sviluppo della malattia in più studi e tipi di dati. Correlation Engine contiene oltre 135.000 analisi derivate dall'elaborazione standardizzata di più di 22.000 studi genomici relativi a diverse malattie (Figura 3) provenienti dai principali archivi pubblici, come Gene Expression Omnibus (GEO), Array Express, European Molecular Biology Laboratory (EMBL), Stanford Microarray Database (SMD), Enciclopedia of DNA Elements (ENCODE), Cancer Cell Line Encyclopedia (CCLE), il progetto GenotypeTissue Expression (GTEx) e altri ancora.

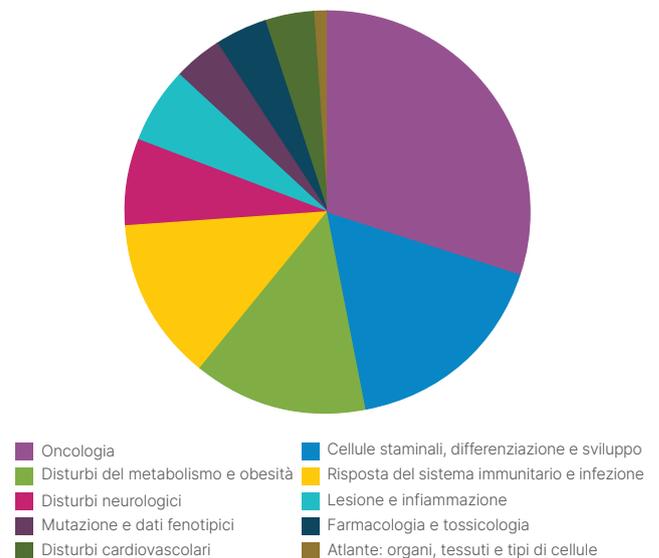


Figura 3: Correlation Engine ha valutato gli studi genomici per area patologica. Con oltre 135.000 analisi derivate mediante una pipeline standardizzata da oltre mezzo milione di campioni, il contenuto di Correlation Engine è in costante crescita. L'analisi basata sui dati consente la valutazione e la convalida del target, l'individuazione di biomarcatori, il riposizionamento dei farmaci e così via.

## Meccanismi della funzione genica

Correlation Engine consente agli scienziati di ottenere informazioni sulla sede di espressione dei geni sul Body Atlas e su come i geni funzionano da miliardi di punti dati che coprono quasi 5.500 malattie nelle principali aree patologiche e quasi 10.000 perturbazioni genetiche uniche.

## Meccanismi di azione dei farmaci

In Correlation Engine, sono presenti più di 50.000 analisi relative a oltre 4.500 composti. I ricercatori possono analizzare le molecole proprietarie candidate per i profili di tossicità e i meccanismi sul target e confrontare i profili con quelli di altri composti.

## Dati per la generazione di approfondimenti

Correlation Engine consente di acquisire nuovi approfondimenti interrogando miliardi di punti dati derivanti da analisi standardizzate di studi sull'intero genoma. I dati pubblici disponibili in Correlation Engine non sono che il punto di partenza per nuove scoperte scientifiche. Gli utenti possono caricare i propri dati in modo sicuro ed eseguire interrogazioni basate sugli stessi o su dati pubblici. I titolari di account aziendali possono condividere i risultati all'interno del proprio dominio privato e aggiungerli alle applicazioni di meta-analisi per generare correlazioni uniche. I dati privati non sono accessibili utilizzando i domini aziendali e viene garantita la sicurezza e la riservatezza dei risultati in un ambiente dotato di certificazioni ISO27001, SOC1, SOC2, SOC3 e PCIDSS.

## Maggiori informazioni

[Correlation Engine](#)

[Prova gratuita](#)

## Ordini

[Contatti](#)

[Sono disponibili prezzi accademici speciali.](#)



Numero verde 1.800.809.4566 (U.S.A.) | Tel. +1.858.202.4566  
[techsupport@illumina.com](mailto:techsupport@illumina.com) | [www.illumina.com](http://www.illumina.com)

© 2024 Illumina, Inc. Tutti i diritti riservati. Tutti i marchi di fabbrica sono di proprietà di Illumina, Inc. o dei rispettivi proprietari. Per informazioni specifiche sui marchi di fabbrica, visitare la pagina web [www.illumina.com/company/legal.html](http://www.illumina.com/company/legal.html).

M-GL-02840 v2.0