



What's New in the IPA Winter 2020 Release

トミーデジタルバイオロジー株式会社

2020/12/22

IPA Winter 2020 Release 概要

- **(ご注意) Fall 2020以降、Java 8 以降が必須になっています**
- Overlay される値が変更されました
- Display as Network ボタンの追加
- Analysis Match の検索とフィルタの強化*

- データベース・パスウェイのアップデート
 - ~104,000 の新規 Findings の追加(合計770万以上)
 - 3つの新規 Canonical Signaling Pathways の追加(合計715)
 - 3 の既存 Canonical Signaling Pathways への活性パターンの追加
 - 80,000 以上の Analysis Match データセット*

* ご利用には有料オプション Analysis Match のライセンスが必要です

(ご注意)Java 8 以降が必須になっています

■Fall2020リリース以降、IPAの起動にJava 8 以上のご使用が必須となりました

■**最新版ではないIPA Clientをご使用の方で、もしIPAの起動に問題が生じた場合は**、現在お使いのIPA Clientを一度アンインストールし、<https://analysis.ingenuity.com/pa/installer/select> から、OSにあった最新版を再インストールし直してください

INGENUITY
PATHWAY ANALYSIS

Make it easier to launch by installing the IPA client on your computer

This installer will enable you to access IPA like other desktop applications on your computer (though still requiring an internet connection). You will no longer need to launch IPA through a browser and no longer need to install Java.

Click on the button below to download the installer

IPA for Windows (64-bit) (Installer recommended for your computer)

Other options:

- [IPA for 32-bit Windows](#)
- [IPA for Mac OS X](#)

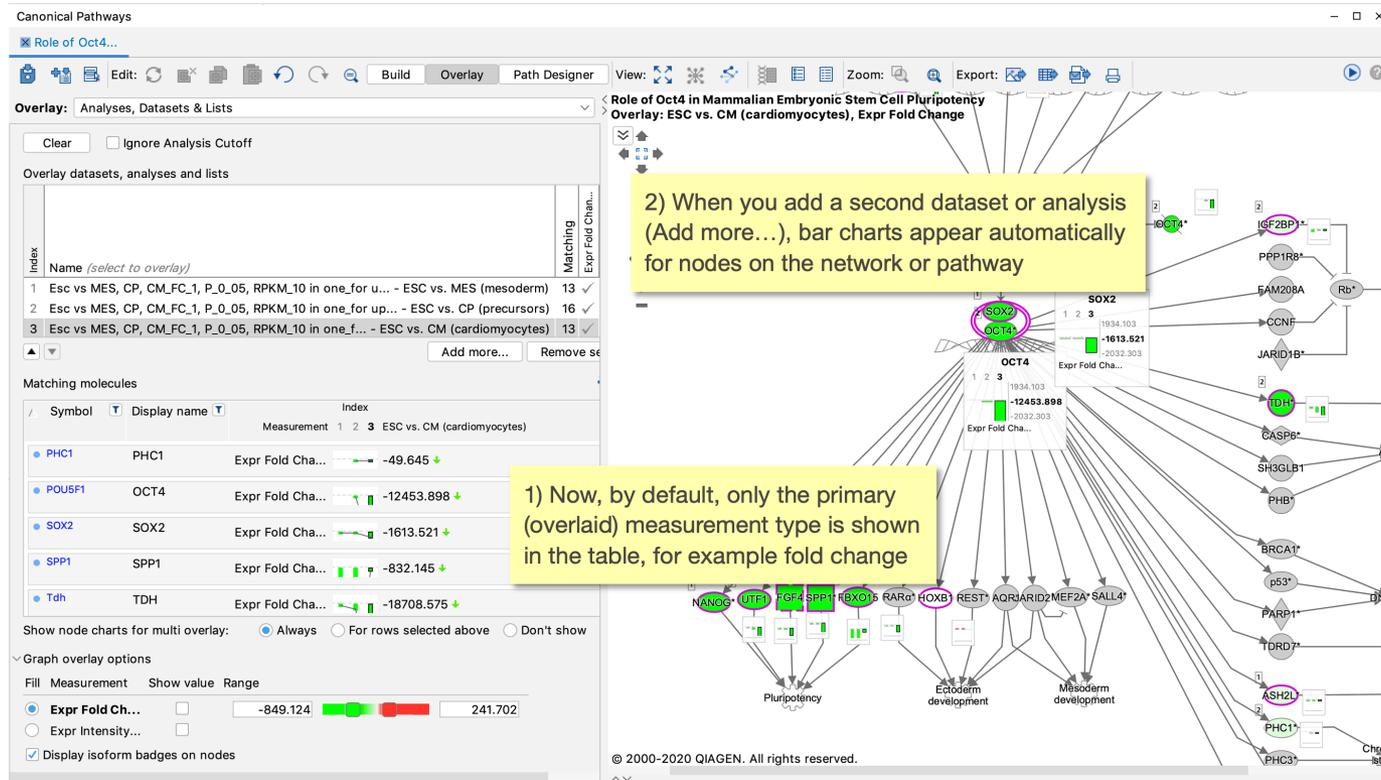
For more information on this improved IPA launch method, see this [help page](#).

Note: If you have trouble installing or logging in with the IPA client, please click [here](#) for an alternate method to launch IPA.

Web起動をご使用の方は、Oracle社よりJava 8以降のバージョンをインストールしていただく必要があります(動作安定性などを考えますと、なるべくIPA Clientからのご使用をお勧めしております)

Overlay される値が変更されました

- Overlay > Analyses, Datasets, & ListsのMatching moleculesは、デフォルトでは、データセットに含まれるすべての値ではなく、発現変動やリン酸化(Fold Changeなど)を表示するようになりました。
- 2つ目以降のAnalysesやデータセットを追加すると、ノードグラフ(小さな棒グラフ)がネットワークやパスウェイのノードの隣にデフォルトで表示されるようになりました。



Matching molecules右上の歯車ボタンから、表示する値などの設定変更が可能です

Display as Network ボタンの追加

- microRNA Target Filter や、Causal Networks タブ、Regulator Effects タブの上部に、Display as Network ボタンが追加されました。
- 該当の行を1つ以上選択して、ボタンをクリックすると、ネットワークが表示されます。

The screenshot shows the 'microRNA Target Filter' window. At the top, it states '50 microRNA have targeting information available. Filtered to 9 microRNAs targeting 10 mRNAs.' Below this are buttons for 'Add/Replace mRNA dataset' and 'Expression Pairing'. The 'Details' tab is active, showing a table of microRNAs. A red box highlights the 'Display As Network' button. A red arrow points from this button to a network diagram on the right. The network diagram shows interactions between microRNAs and mRNAs. MicroRNAs are represented by circles with their names and seed sequences, and mRNAs are represented by diamonds with their names. Arrows indicate the direction of the interaction.

| microRNA dataset: MicroRNAs in tis... | Relationship | | | |
|---|-----------------------------|------------------|------------------------------|--------------------|
| ID | Symbol | Expr Fold Cha... | Source | Confidence |
| <input type="checkbox"/> hsa-let-7e | let-7a-5p (and other miRNA) | ↓-3.226 | TargetScan Human, miRec | Experimentally Obs |
| <input type="checkbox"/> hsa-let-7e | let-7a-5p (and other miRNA) | ↓-3.226 | Ingenuity Expert Findings, | Experimentally Obs |
| <input type="checkbox"/> hsa-mir-206 | miR-1-3p (and other miRNA) | ↓-2.564 | TarBase, TargetScan Huma | Experimentally Obs |
| <input type="checkbox"/> hsa-mir-195 | miR-16-5p (and other miRN) | ↓-2.632 | TarBase, TargetScan Huma | Experimentally Obs |
| <input type="checkbox"/> hsa-mir-195 | miR-16-5p (and other miRN) | ↓-2.632 | Ingenuity Expert Findings | Experimentally Obs |
| <input type="checkbox"/> hsa-mir-106b | miR-17-5p (and other miRN) | ↓-2.857 | Ingenuity Expert Findings, | Experimentally Obs |
| <input type="checkbox"/> hsa-mir-21 | miR-21-5p (and other miRN) | ↓-2.703 | miRecords | Experimentally Obs |
| <input type="checkbox"/> hsa-mir-373 | miR-291a-3p (and other mil) | ↑2.830 | TarBase | Experimentally Obs |
| <input type="checkbox"/> hsa-mir-373 | miR-291a-3p (and other mil) | ↑2.830 | TarBase, miRecords | Experimentally Obs |
| <input type="checkbox"/> hsa-mir-373 | miR-291a-3p (and other mil) | ↑2.830 | TarBase, TargetScan Huma | Experimentally Obs |
| <input type="checkbox"/> hsa-mir-29a | miR-29b-3p (and other miR) | ↑4.380 | miRecords | Experimentally Obs |
| <input type="checkbox"/> hsa-mir-30a-5p | miR-30c-5p (and other miR) | ↑3.800 | miRecords | Experimentally Obs |
| <input type="checkbox"/> hsa-mir-34c | miR-34a-5p (and other miR) | ↓-2.857 | Ingenuity Expert Findings, r | Experimentally Obs |
| <input type="checkbox"/> hsa-mir-34c | miR-34a-5p (and other miR) | ↓-2.857 | Ingenuity Expert Findings | Experimentally Obs |

Selected/Total rows : 0/14

View Filter Summary

Network Diagram Nodes:

- MYC
- miR-17-5p (and other miRNAs w/seed AAAGUGC)
- miR-34a-5p (and other miRNAs w/seed GGCAGUG)
- let-7a-5p (and other miRNAs w/seed GAGGUAG)
- HSPA1A/HSPA1B
- miR-16-5p (and other miRNAs w/seed AGCAGCA)
- miR-21-5p (and other miRNAs w/seed AGCUUUAU)
- TP53
- MAPK3
- CASP3
- miR-30c-5p (and other miRNAs w/seed GUAAACA)
- miR-29b-3p (and other miRNAs w/seed AGCAGCA)
- miR-1-3p (and other miRNAs w/seed GGAUUGU)
- MDM2
- ODKN1A
- HSPA14
- RELA

Analysis Match の検索とフィルタの強化

■PubMed IDとTherapeutic Areaフィールド(メタデータ)が追加されました。

PubMed ID(PMID)による検索では、下図のようにIDの整数部分のみを入力して検索します。

Therapeutic Areaによる検索では、例えばNeurology, Rheumatology, Endocrinology, Oncologyなどのキーワードで検索することができます。

The screenshot displays the 'Dataset and Analysis Search' window. At the top, a search bar contains the number '27153497' and a 'Search' button. Below the search bar, there are examples of search terms: 'liver', 'mouse OR rat', 'HeLa NOT 3T3', 'p?3', and 'ovar*'. The 'Search Results' section indicates that 2 results were found in 11ms for the query [27153497]. On the left, a sidebar shows 'Folder Types' with 'dataset (1)' and 'analysis (1)', and 'Projects' with 'December 2020 (2)'. Below this is an 'Add to Comparison' button and a table of search results:

| Folder Name | Folder Type |
|--|-------------|
| 3- lung adenocarcinoma (LUAD) [liver] NA 566 - 2020-11-22 02:... | analysis |
| 3- lung adenocarcinoma (LUAD) [liver] NA 566 | dataset |

The main content area shows a breadcrumb trail: 'My Projects > December 2020 > Analyses'. Below this, a link is provided: '3- lung adenocarcinoma (LUAD) [liver] NA 566 - 2020-11-22 02:03 PM'. The 'Case/Control Differences' section states: 'No metadata difference between case and control.' The 'Comparison Context' section lists various metadata fields and their values:

| | |
|--------------------|---|
| animalstrain | B6.129P2-Trp53tm1Brn/J;B6.129S4-Krastm4Tyj/J |
| comparisoncategory | Other Comparisons |
| comparisoncontrast | Genotype:CircadianTime => KRAS LSL-G12D/+;TP53 flox/flox -> ZT20 vs ZT0 |
| diseasestate | lung adenocarcinoma (LUAD) |
| dosage | 5x10 ⁵ PFU |
| genotype | KRAS LSL-G12D/+;TP53 flox/flox |
| organism | mouse |
| platformname | Affymetrix.MoGene-2_0-st-v1 |
| subjecttreatment | AAV expressing Cre |
| tissue | liver |
| treatment | NA |

The 'All Experiment Metadata' section is partially visible at the bottom, showing 'case animalstrain' and 'B6.129P2-Trp53tm1Brn/J;B6.129S4-Krastm4Tyj/J'.

データベースのアップデート

- ~104,000 の新規 Findings の追加(合計770万以上)
 - ~24,000 の新規 Expert Findings
 - ~44,000 のClinVarからのがん突然変異 Findings
 - ~18,000 のBioGRID から得られたタンパク質間相互作用 Findings
 - ~2,300 の新規 Gene Ontology Findings
 - ~750 の ClinicalTrials.gov 由来の新規 Drug - 疾患 Findings
 - ~600 の ClinicalTrials.gov 由来の新規疾患 - ターゲット Findings
 - ~31,000のIntAct から得られたタンパク質間相互作用 Findings
 - ~500 の新規マッピング可能化合物

パスウェイのアップデート

■ 3つの新規 Signaling Pathways の追加

- Ferroptosis Signaling Pathway
- Role of MAPK Signaling in Inhibiting the Pathogenesis of Influenza
- Role of MAPK Signaling in Promoting the Pathogenesis of Influenza

■ 3 の既存 Canonical Signaling Pathways へのアクティビティパターンの追加

- HER-2 Signaling in Breast Cancer
- IL-17 Signaling
- Role of Hypercytokinemia/hyperchemokinememia in the Pathogenesis of Influenza

Winter 2020 現在、413 Signaling Pathways, 302 Metabolic Pathways がご利用いただけます

リストは、Available Canonical Pathways より

<http://qiagen.force.com/KnowledgeBase/KnowledgeIPAPage?id=kA41i000000L5q0CAC>

詳細は、Project Manager > Libraries > Ingenuity Canonical Pathways

> Metabolic Pathways / Signaling Pathways よりご確認ください

OmicSoftデータベースのアップデート

■ 80,000以上の解析結果がAnalysis MatchとActivity Plotで利用可能です*

*有料オプション Analysis Match のライセンスが必要です

| Land | Repository | Datasets Q3 2020 | Datasets Q4 2020 | Increase |
|-------------|------------------|------------------|------------------|----------|
| DiseaseLand | HumanDisease | 15,146 | 16,290 | 1144 |
| | MouseDisease | 12,698 | 14,563 | 1865 |
| | RatDisease | 3948 | 5480 | 1532 |
| | LINCS | 28,234 | 28,234 | |
| OncoLand | OncoGEO | 6364 | 7379 | 1015 |
| | OncoMouse | 501 | 933 | 432 |
| | TCGA | 4789 | 4789 | |
| | MetastaticCancer | 81 | 81 | |
| | Hematology | 1512 | 2511 | 999 |
| | Pediatrics | 444 | 444 | |

IPAの動作環境

| | Windows | Mac |
|---------------|---|--|
| OS※ | Windows 10, Windows 8, Windows 7, Windows XP SP2 以降 | macOS 11.0 Big Sur macOS 10.15 Catalina, macOS 10.14 Mojave, |
| Webブラウザ ※※ | IE 6 以降, Microsoft Edge 87 以降, Firefox 5 以降, Chrome 10 以降 | Firefox 33 以降, Safari 7 以降, Chrome 10 以降 |
| Java | JRE 1.8.0_xx 以降 | JRE 1.8.0_xx 以降 |

推奨ハードウェア構成

CPU Core i5 2.0 GHz 以上

メモリ 3 GB RAM 以上

モニタ 1200 × 800 以上

※半角英数のユーザーアカウントが必要です

※※インターネット接続環境が必要です

カスタマーサポート

トミーデジタルバイオロジー株式会社

TEL:03-6240-0451

E-mail: support@digital-biology.co.jp

担当: 田中・越後

対応時間: 平日9:00～17:30

※サポートの際は可能な限り、IPA をご使用になれる環境から
ご連絡ください