



MetaCore

Интегрированный анализ ОМИКСных данных в биомедицине

MetaCore предоставляет отобранную вручную информацию о молекулярно-биологических системах, а также аналитические инструменты для анализа ОМИКСных данных для определения механизмов развития заболеваний на молекулярном уровне.

Интегрированный анализ ОМИКСных данных

MetaCore представляет собой программное обеспечение для функционального анализа ОМИКСных данных: геномных (включая данные секвенирования нового поколения (Next Generation Sequencing, NGS)), транскриптомных (микрочиповые и RNA-seq данные), метаболомных и протеомных. Платформа *MetaCore* разработана на основе базы данных, содержащей отобранную вручную информацию, включающую:

- факторы транскрипции, рецепторы, лиганды, киназы, лекарственные средства, эндогенные метаболиты и др.;
- видоспецифичные направленные молекулярные взаимодействия: белок-белковые, ДНК-белковые и РНК-белковые, а также воздействия между лекарственными препаратами и их молекулярными мишенями, с детальным описанием данных взаимодействий;
- клеточные сигнальные и метаболические пути, представленные на сигнальных картах и сетях (networks);
- многочисленные онтологии заболеваний и биологических процессов.

Высококачественные биологические данные

Информация, представленная в *MetaCore*, является наиболее точной, достоверной и полной в отрасли благодаря ручному аннотированию командой специалистов уровня магистра или кандидата медицинских/ биологических/ химических наук. *MetaCore* дает доступ к более чем миллиону экспериментально показанных молекулярных взаимодействий, для которых определены механизм и активирующий/ингибирующий результат взаимодействия, с ссылками на соответствующие научные публикации.

Анализ данных секвенирования нового поколения (Next Generation Sequencing, NGS)

MetaCore позволяет анализировать NGS данные при помощи инструментов для геномного анализа, которые помогают выявлять потенциально значимые генные варианты, предоставляя более 20 способов фильтрации данных, таких как предсказание функционального эффекта мутации, консервативность последовательности, частотность мутации в популяциях, а также наличие или отсутствие биологических и клинических свидетельств в научной литературе.

Основные преимущества MetaCore

- Возможность использования в качестве как базы данных по молекулярной биологии и биохимии, так и мощного аналитического инструмента для моделирования клеточных процессов
- Более 1,8 миллиона аннотированных вручную молекулярных взаимодействий, показанных в ходе экспериментов, проводимых на человеческих, мышиных и крысиных клетках/тканях/моделях.
- Передовые методы анализа данных, позволяющие выявлять ключевые регуляторы и идентифицировать измененные сигнальные и метаболические пути.
- Свыше 1 600 карт сигнальных путей, из которых более 700 описывают патологические молекулярные изменения и клеточные сигналы.
- Интегрированный анализ геномных, транскриптомных, метаболомных, протеомных и др. данных
- Простые и удобные фильтры для создания сложных запросов с последующим выявлением значимых генных вариантов, интегрированные с данными из проектов 1 000 Genomes и Exome Sequencing Project (ESP).
- Отобранные вручную данные о связях генных вариантов с болезнями.
- Инструменты для когортного анализа (Cohort Analysis, тест тренда Кохрана — Армитаж), выявления соматических и наследственных мутаций (Somatic Mutation).

Дополнительные сведения см. на сайте clarivate.com

Платформу MetaCore можно использовать в следующих целях:

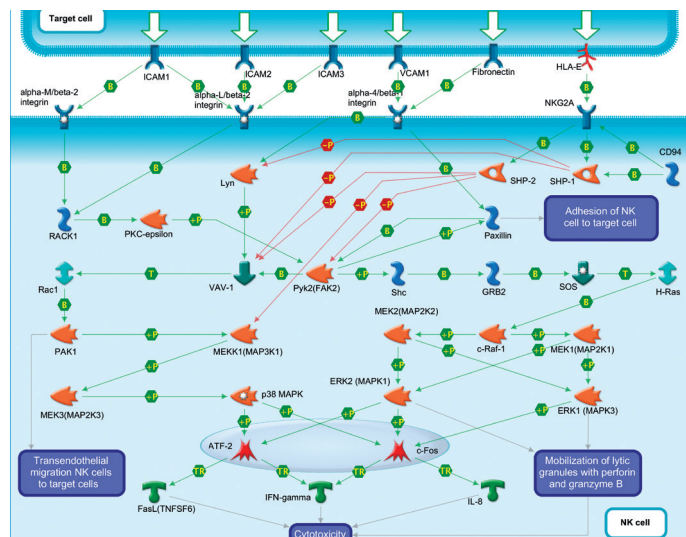
- анализ ОМИКСных данных в контексте клеточных сигнальных путей и процессов
- использование опубликованной информации для валидации полученных результатов или построения новых гипотез;
- выявление потенциальных терапевтических мишеней и биомаркеров;
- моделирование путей развития заболевания;
- стратификация пациентов;
- воссоздание механизма действия лекарственного препарата на молекулярном уровне.

Области применения:

- Молекулярно-биологические исследования
- Открытие новых препаратов
- Биоинформатика
- Идентификация биомаркеров
- Доклинические исследования
- Трансляционные исследования

Технические требования:

- Web browser
- Internet Explorer® 11 и выше
- Firefox® 57 и выше
- Safari® 10
- Chrome 63
- Macromedia Flash Player 15 и выше
- Java Runtime Environment



Пример типичной сигнальной карты в *MetaCore* демонстрирует «роль интегринов в цитотоксичности НК-клеток» в рамках иммунного ответа. Карты путей в *MetaCore* воссозданы вручную нашими экспертами с учетом открытий, описанных в рецензируемой научной литературе, и являются полностью интерактивными.

- Вы сможете сэкономить массу времени, затрачиваемого на поиск релевантной литературы (некоторые карты сигнальных путей представляют собой коллекцию, содержащую более 300 ссылок на публикации).
- Вы также сможете сопоставить данные собственных экспериментов и визуализировать результаты для создания научных гипотез.

Россия и страны СНГ

+7 495 967 9797
Россия, Москва,
ул. Земляной вал, 9, 4-й этаж,
бизнес-центр СИТИДЕЛ,
REGUS

Октябрь 2017 г.
© Clarivate Analytics, 2017 г.

Северная Америка

Филадельфия: +1 800 336 4474
+1 215 386 0100

Латинская Америка

Бразилия: +55 11 8370 9845
Другие страны: +1 215 823 5674

clarivate.com

Европа, Ближний Восток и Африка

Лондон: +44 20 7433 4000

Азиатско-Тихоокеанский регион

Сингапур: +65 6775 5088
Токио: +81 3 5218 6500