



# Open Targets

## presentazioni NAR

AURELIA TIMIS, CHIARA SOLITO

Search





## Obiettivo:

identificare i geni principalmente coinvolti nelle malattie e potenziali bersagli farmacologici



## Metodo:

Aggregazione di:

- associazioni genetiche
- dati di genomica funzionale
- trait-associated loci



## Novità

*In assenza di un portale già esistente che consenta di rispondere sistematicamente a un'ampia gamma di domande biologiche, è stato costruito OTG sulla base della tecnologia più recente per consentire di aggiungere e sfogliare facilmente i dati.*



# Open Targets come funziona?

**S**

study

informazioni associate alla  
malattia

**V<sub>L</sub>**

lead variant

ottenuta dagli studi  
(variante col migliore p-value)

**V<sub>T</sub>**

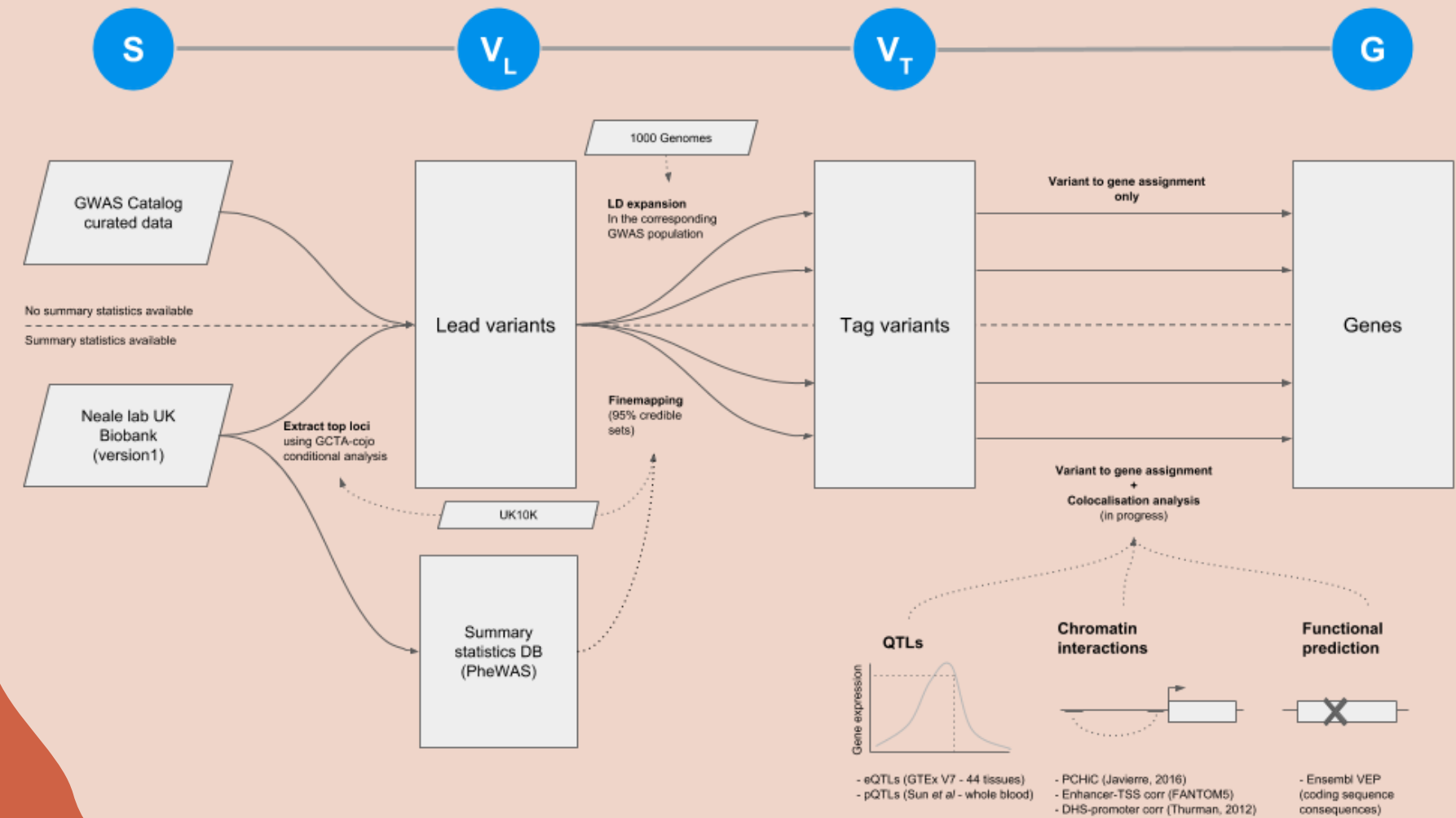
tag variants

varianti rappresentative di una regione  
con alto linkage disequilibrium -  
aggiunte alla lead

**G**

genes

collegati alle tag variants





pipelines

- V2G
- V2D
- L2G
- colocalisation



# Un esempio di utilizzo

Come si usa Open Targets Genetics?

video

The background features a light gray surface with several organic, light orange shapes. A dark orange line, resembling a stylized mountain range or a series of connected peaks, runs across the top of the image.

5 min. di domande!



# Open Targets

## Grazie per l'attenzione

AURELIA TIMIS

CHIARA SOLITO