

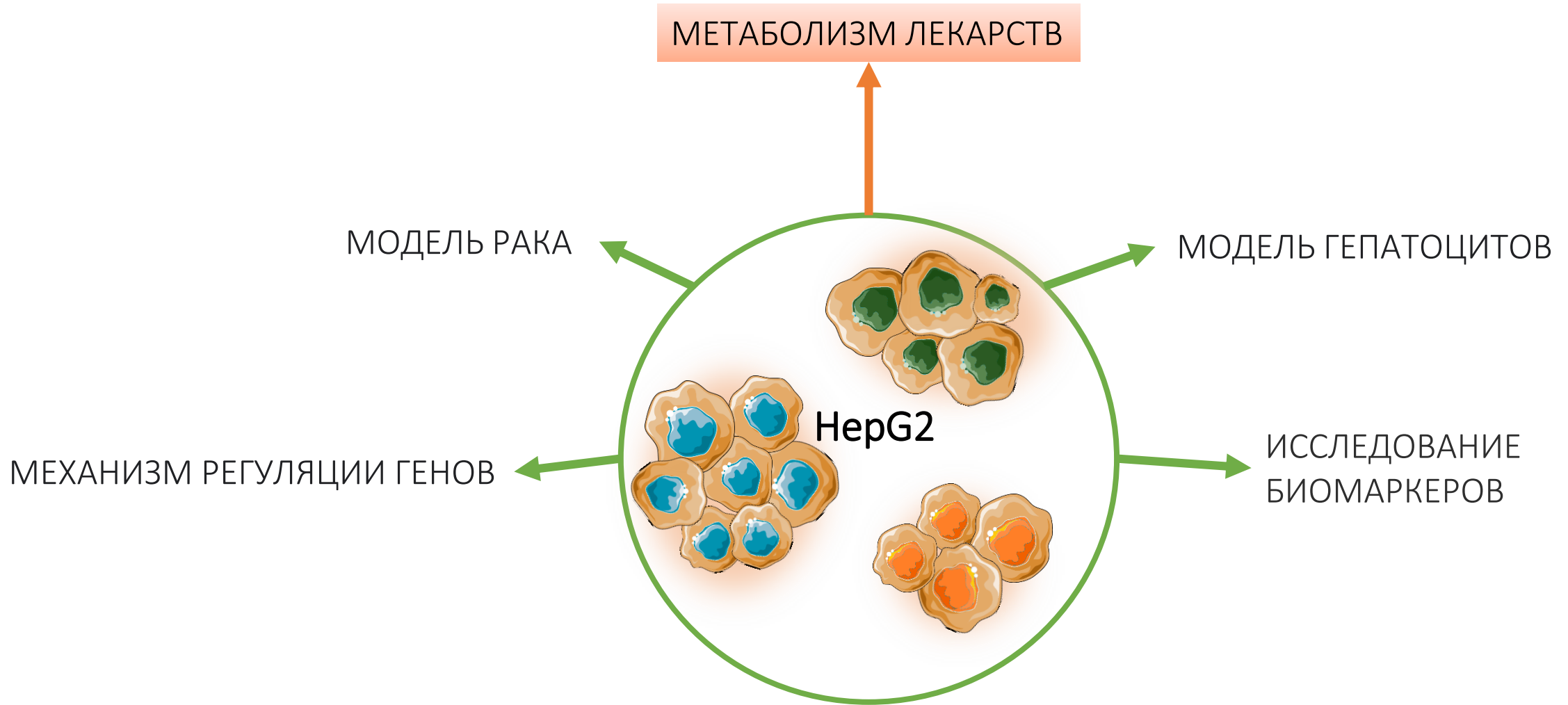
Федеральное государственное бюджетное научное учреждение  
«Научно-исследовательский институт биомедицинской химии имени В. Н. Ореховича»

# Оценка гетерогенности транскриптомов опухолевой клеточной линии HepG2

Арзуманян Виктория Арменовна  
к.б.н. Поверенная Екатерина Владимировна

Москва 2021

# Почему HepG2?



# Почему HepG2?



# Характеристики исследования

HerG2 → Sigma-Aldrich (5 пассаж)



**Oxford Nanopore**

- 220 Gb
- Длинные прочтения без ограничения по длине

Технология секвенирования	Количество технических повторов/образцов
Illumina	3
Oxford Nanopore	3
Опубликованные данные	
Sequence Read Archive (SRA)	21

**Sequence Read Archive (SRA NCBI)**

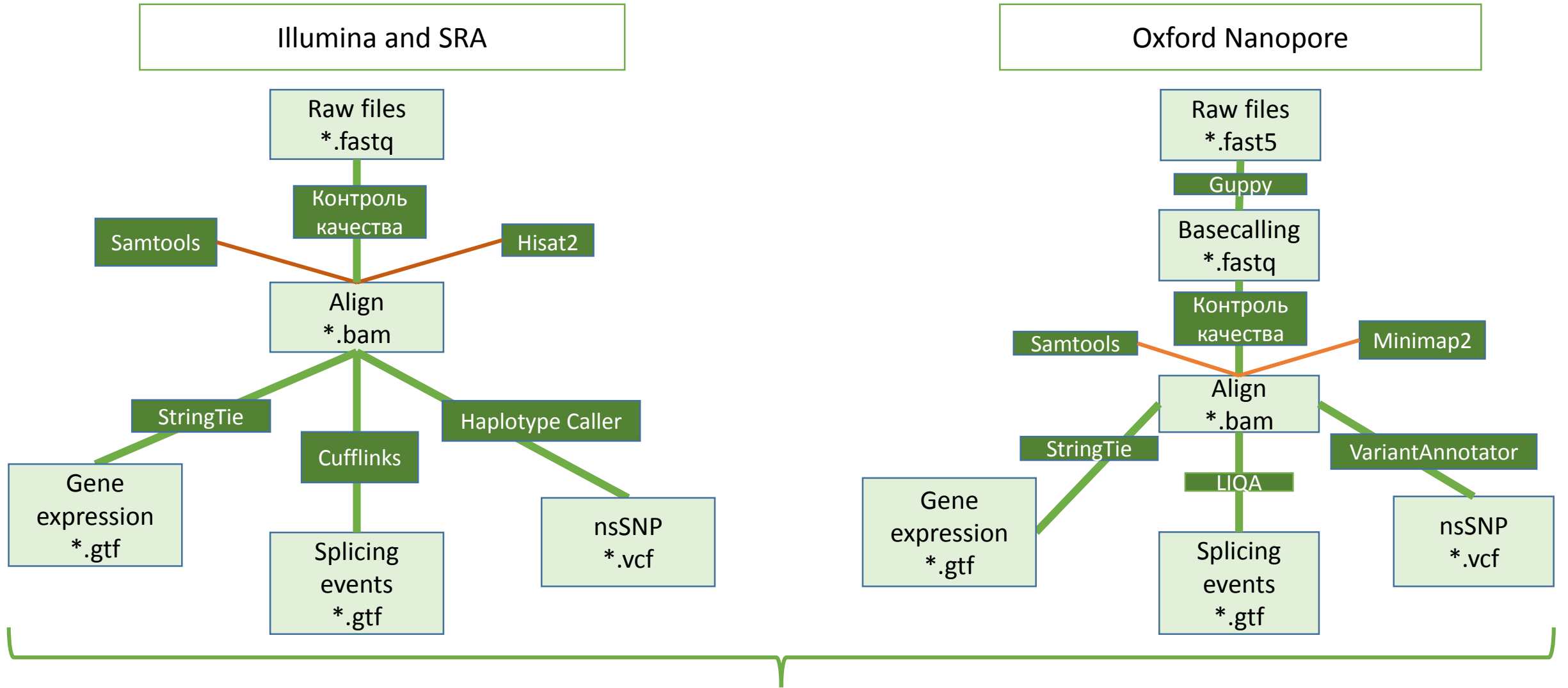
- Получены за последние 5 лет
- Illumina (HiSeq 4000, HiSeq 2500, HiSeq 2000 и т.д.) и NextSeq 500



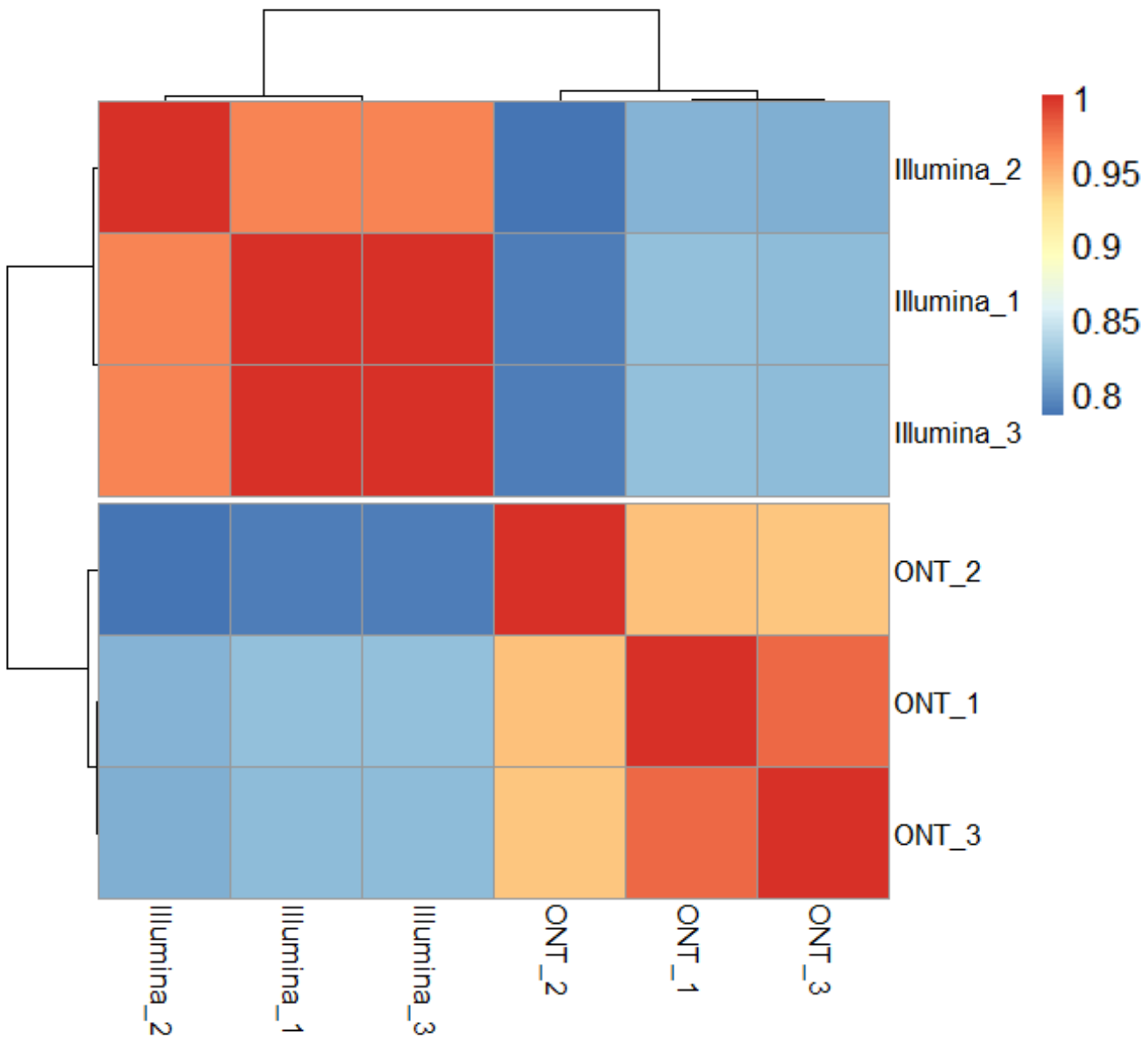
**Illumina**

- Парно-концевые чтения
- Количество прочтений свыше 30 млн
  - Длина ридов 100

# Анализ транскриптомных данных



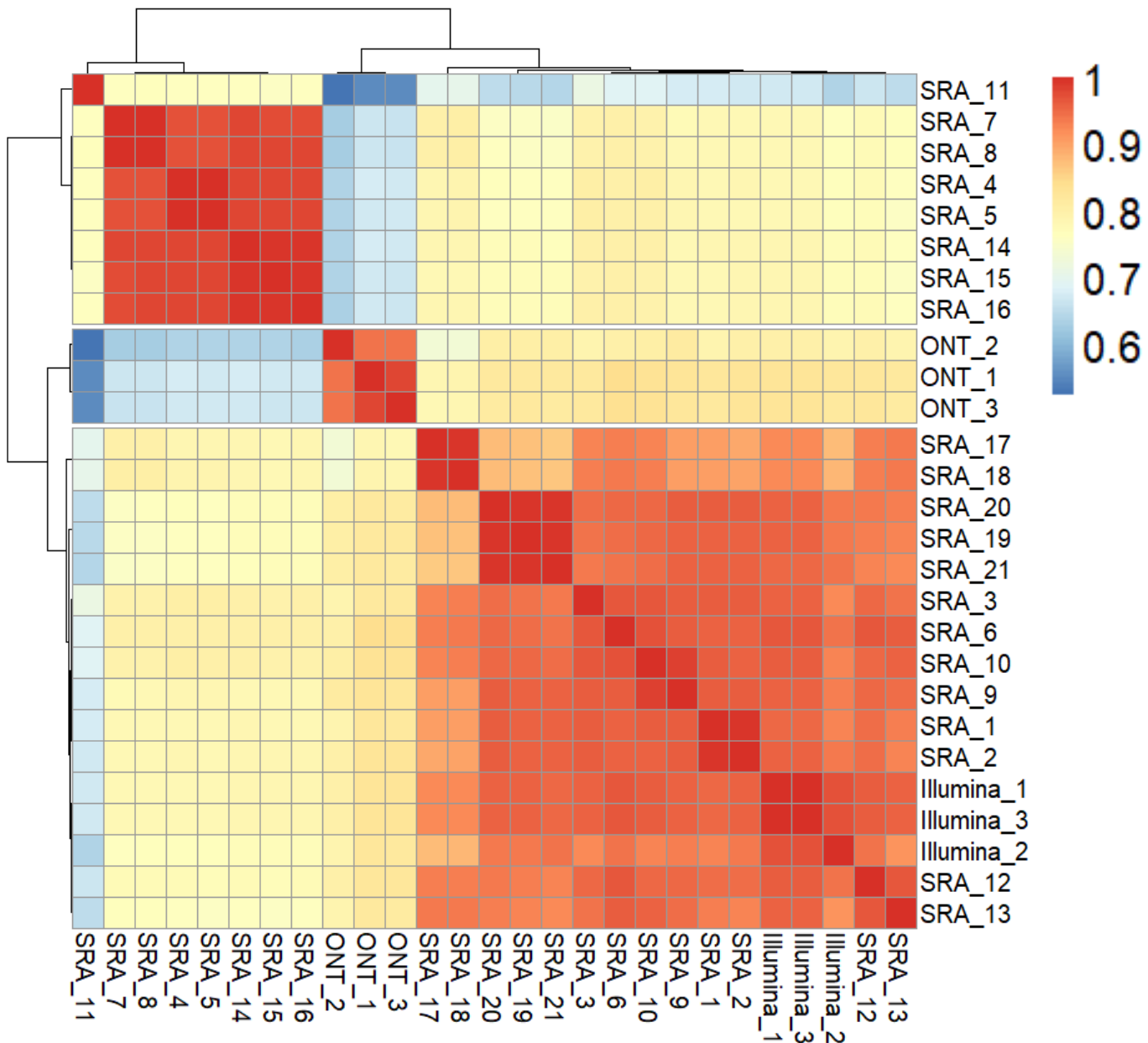
# Экспрессия клеточной линии HepG2



**min  $\rho$  = 0.78**  
**max  $\rho$  = 0.82**

	Количество экспрессирующихся генов
Illumina	13812
Oxford Nanopore	13046

# Экспрессия клеточной линии HepG2



**min  $\rho$  = 0.65**

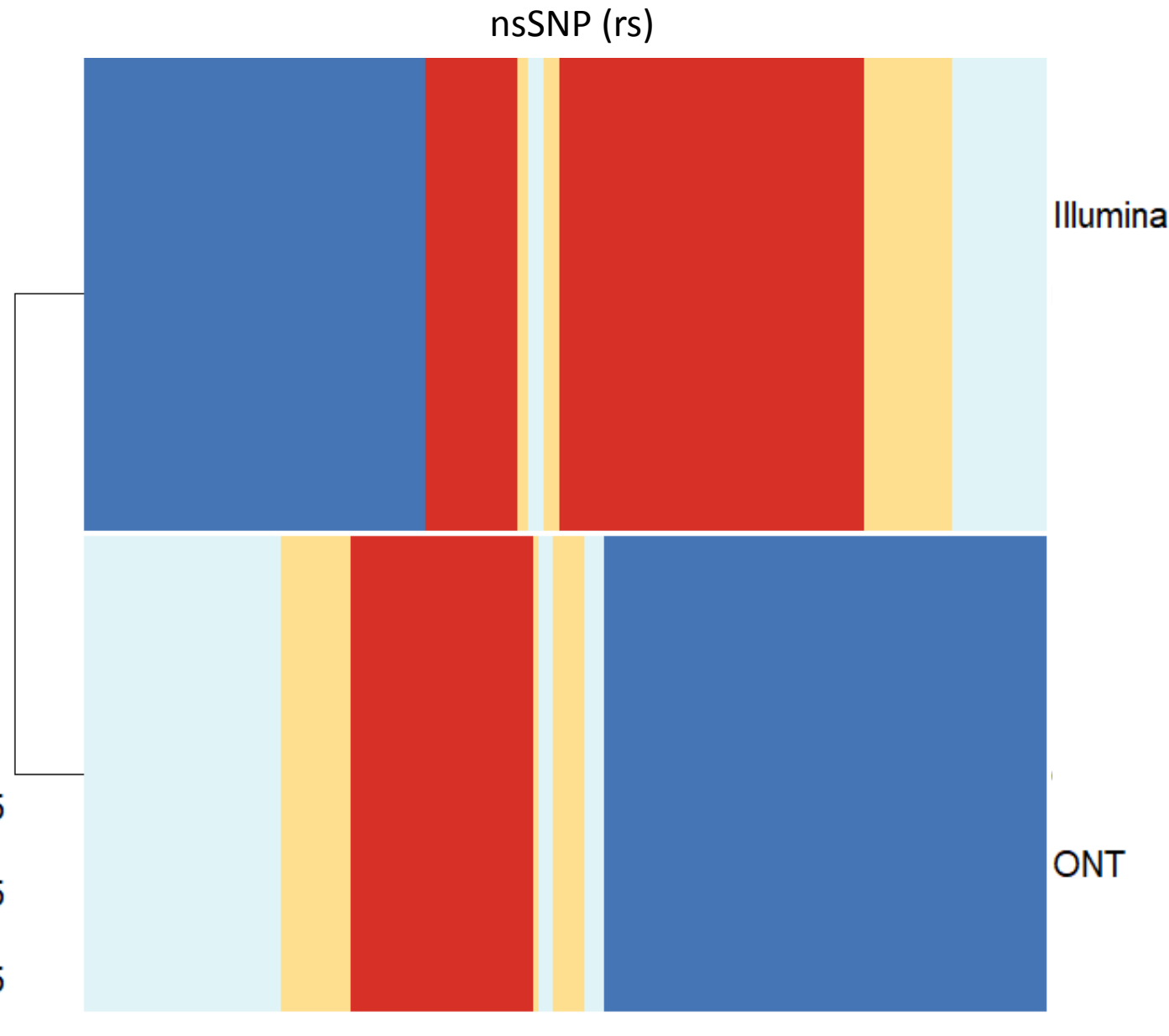
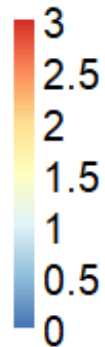
**max  $\rho$  = 0.97**

	Количество экспрессирующихся генов
Суммарно во всех образцах	14 337
SRA	13 283

# Анализ однонуклеотидных замен

	nsSNP
Суммарно (Illumina + Oxford Nanopore, 6)	7 934
Встречается во всех повторах	635
Illumina	3 420/4 317
Oxford Nanopore	1 270/3 617
В 50% повторах	2 423
Встречается 1 раз	2 031

Шкала  
встречаемости  
nsSNP в образцах

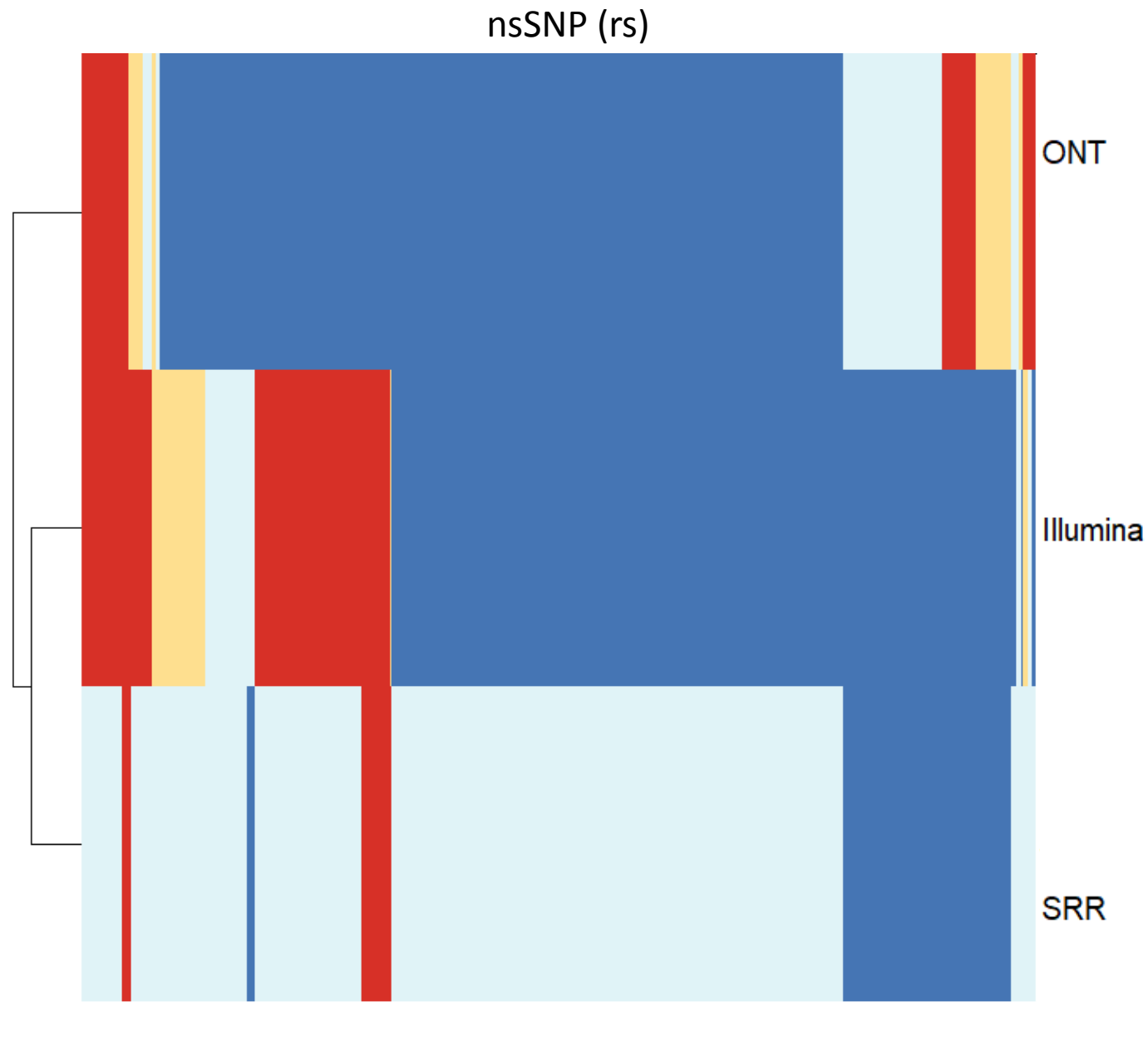
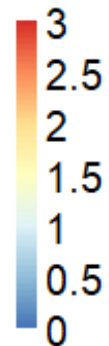




# Анализ однонуклеотидных замен

	nsSNP
Суммарно во всех образцах (22)	12 707
Опубликованные данные (21)	10 372
Полученные данные (Illumina + Oxford Nanopore, 6)	7 934
Встречаются во всех образцах	84
50%	852
Встречаются 1 раз	4 436

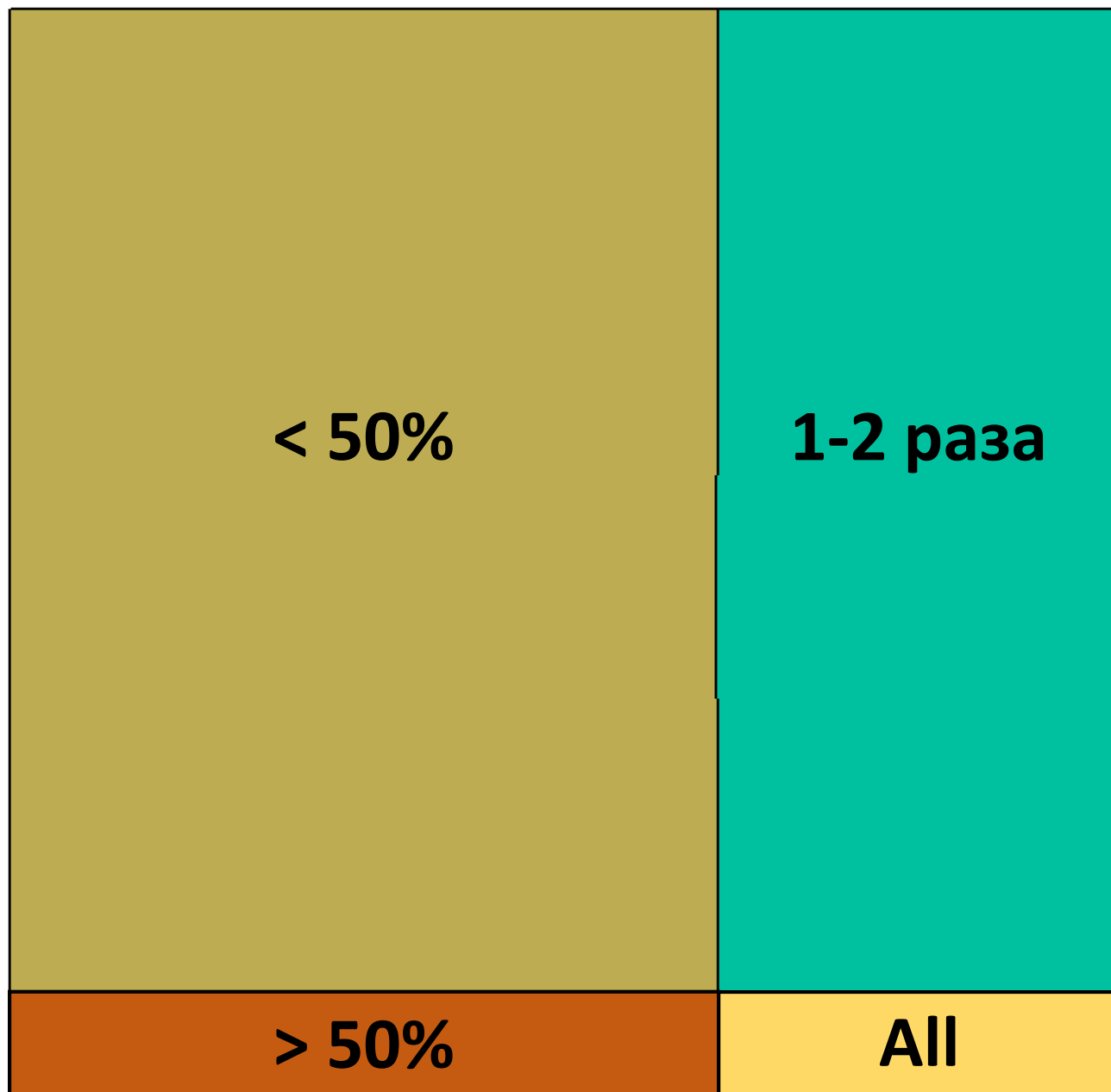
Шкала  
встречаемости  
nsSNP в образцах



# Анализ встречаемости событий сплайсинга

Иllumina + Oxford Nanopore	Splice variants
Суммарно во всех 6 технических повторах	74 168
Встречается во всех во всех 6 технических повторах	5 323
В > 50% образцах	47 298
Встречается 1-2 раза	23 544

Все образцы	Splice variants
Суммарно во всех образцах	100 126
Встречается во всех образцах	33
В < 50% образцах	64 366
В > 50% образцах	56
Встречается 1-2 раза	35 701



# Выводы

- Использование разных платформ секвенирования для одного образца показывает сопоставимые результаты по генной экспрессии;
- Клеточная линия HepG2 гомогенна по своему транскриптомному профилю на основании генной эспрессии при анализе 22 образцов (21 SRA и 1 полученный ИБМХ);
- Клеточная линия HepG2 гетерогенна по своему транскриптомному профилю на основании встречаемости транскриптов, образованных в результате событий сплайсинга и несинонимичных однонуклеотидных замен.

Спасибо за внимание!