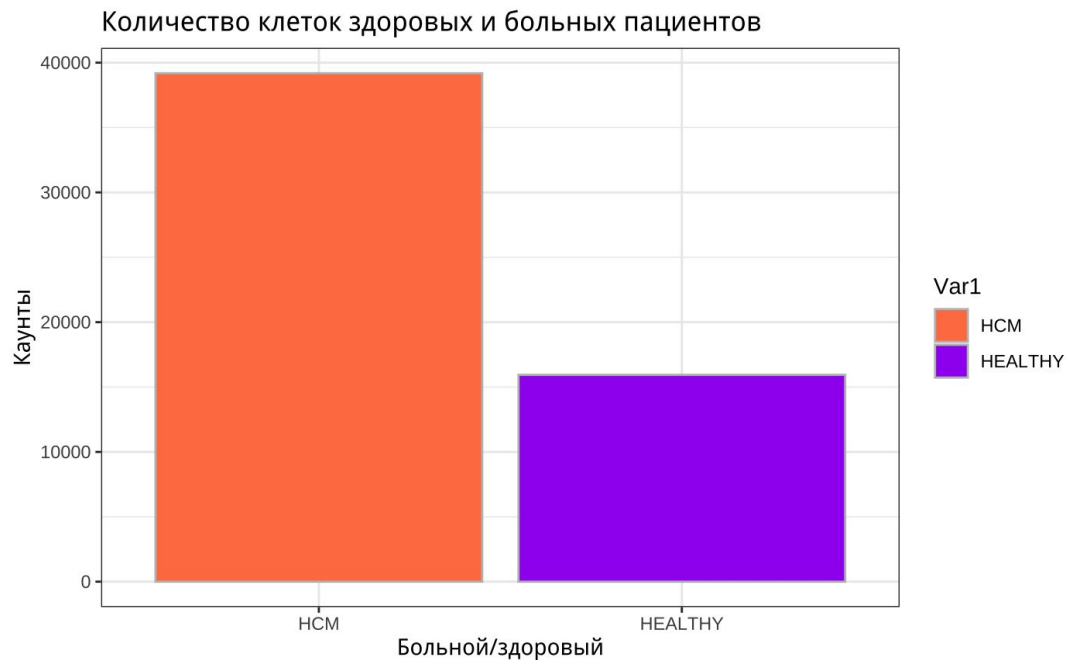


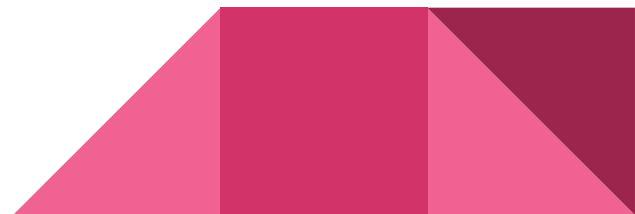
Специфические регуляторные изменения при гипертрофической кардиомиопатии, выявленные с помощью РНК-seq отдельных ядер и пространственной транскриптомики.



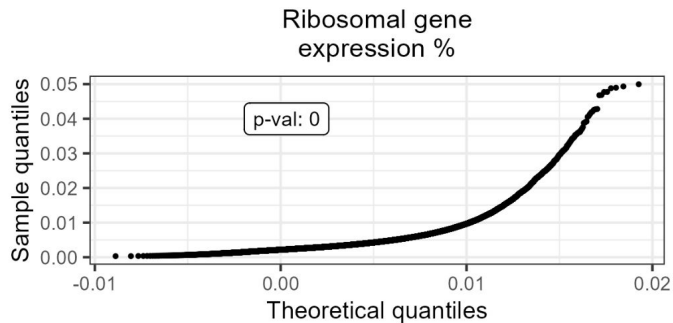
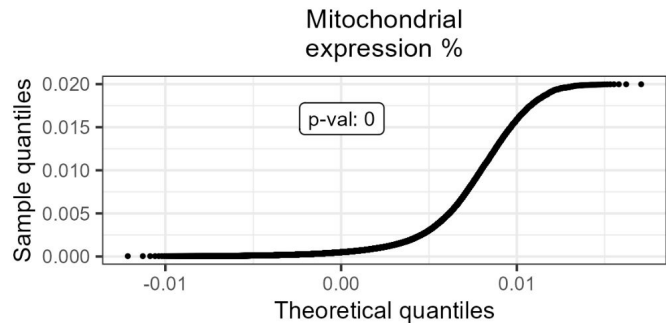
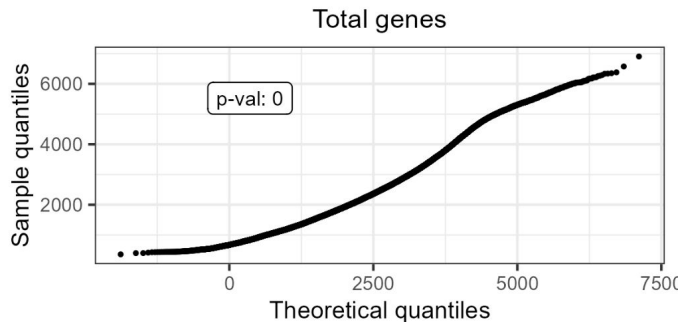
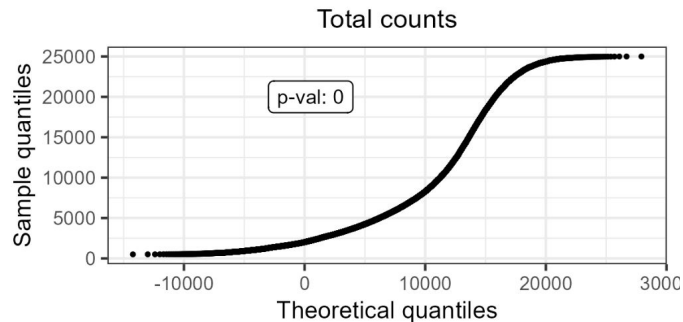
Сколько и каких клеток



Клеток больных
секвенировали больше

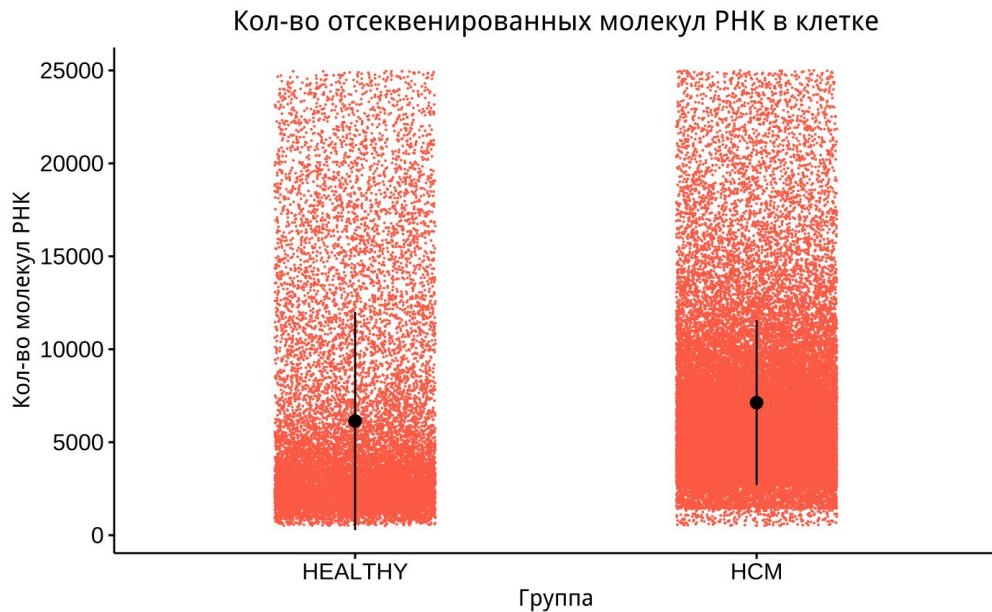


Распределения характеристик



Характеристики качества секвенирования
распределены не нормально.

Сколько молекул РНК отсекувенировали



В клетках больных пациентов больше секвенировано молекул РНК

Отсеяли клетки, где отсканировали менее 500 молекул РНК

По результатам Манна-Уитни $p\text{-value} = 2.2 \times 10^{-16}$, следовательно медианы не равны

Сколько генов детектировали

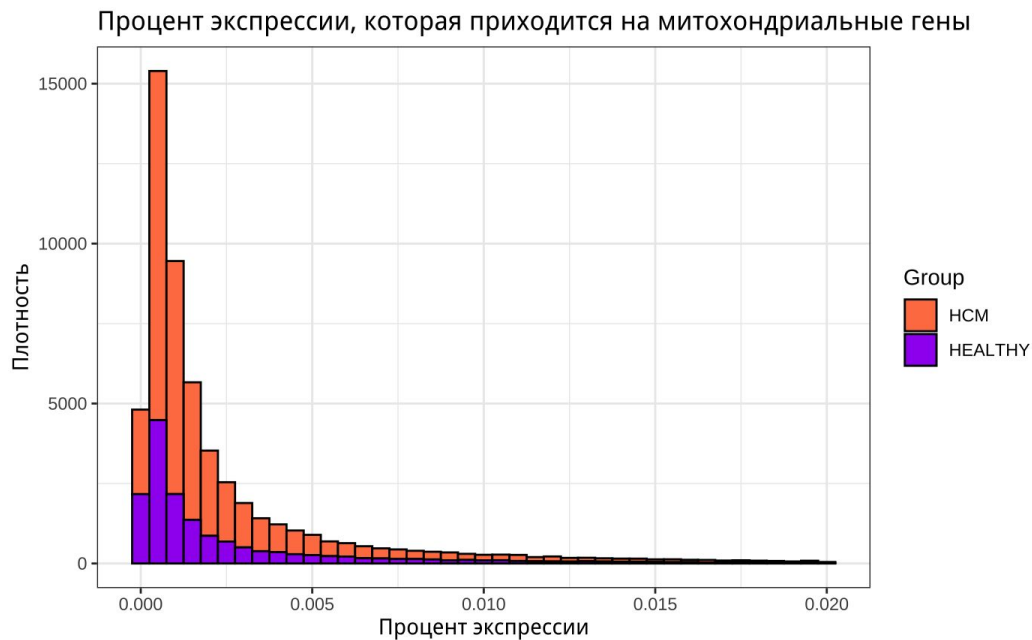


У больных кол-во детектированных генов больше

Нет случаев с нулевым кол-во генов, видимо отсеяли

По результатам Манна-Уитни p -value = $2.2 \cdot 10^{-16}$, следовательно медианы не равны

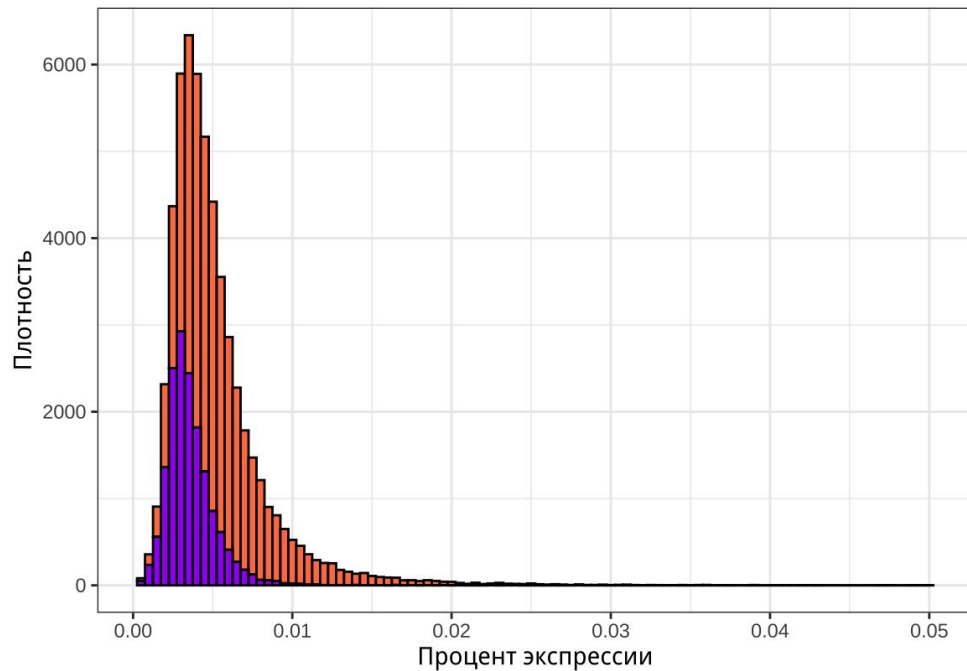
Сколько экспрессии приходится на митохондриальные гены



Не встречается высокая экспрессия митохондриальных генов. Видимо отфильтровали

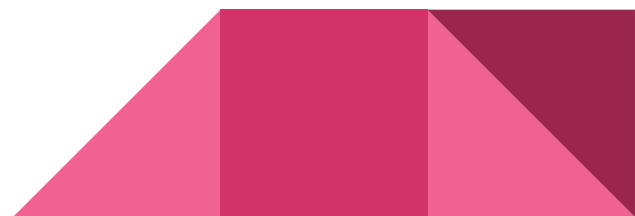
Сколько экспрессии приходится на рибосомальные гены

Процент экспрессии, которая приходится на рибосомальные гены



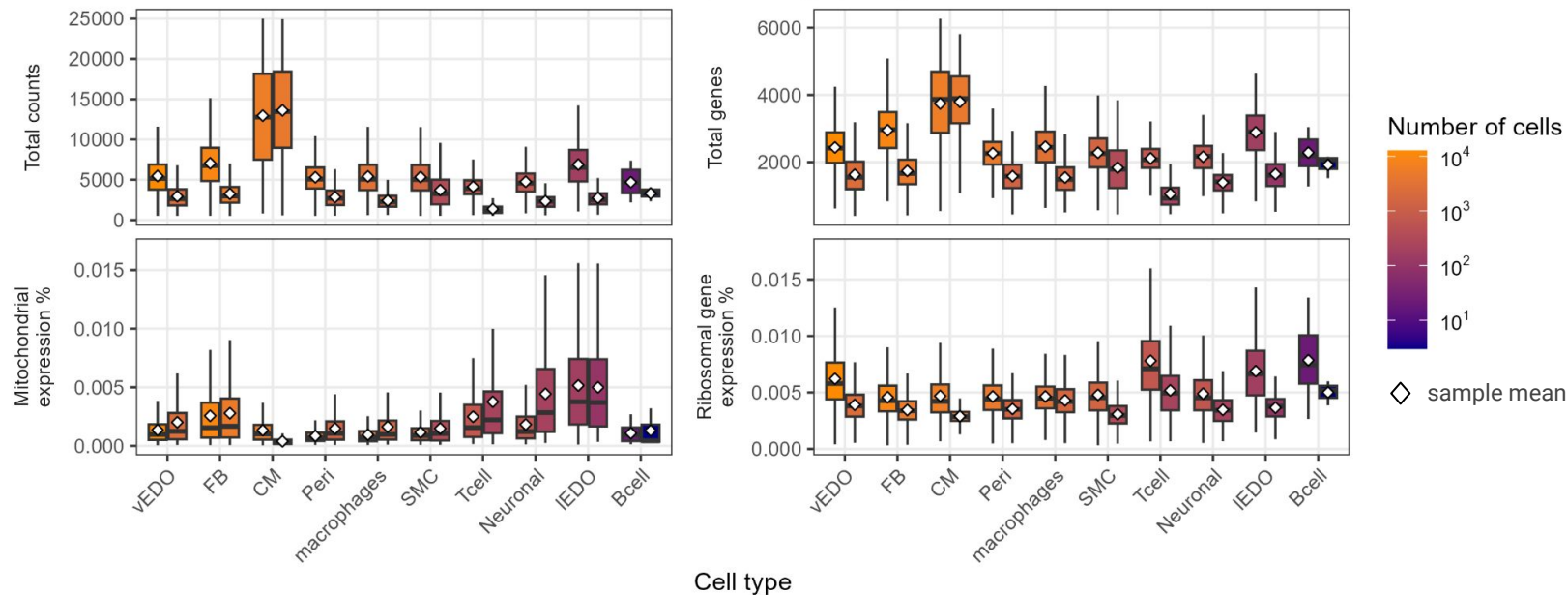
Экспрессии от рибосомальных генов мало, скорее всего почистили

Group
HCM
HEALTHY



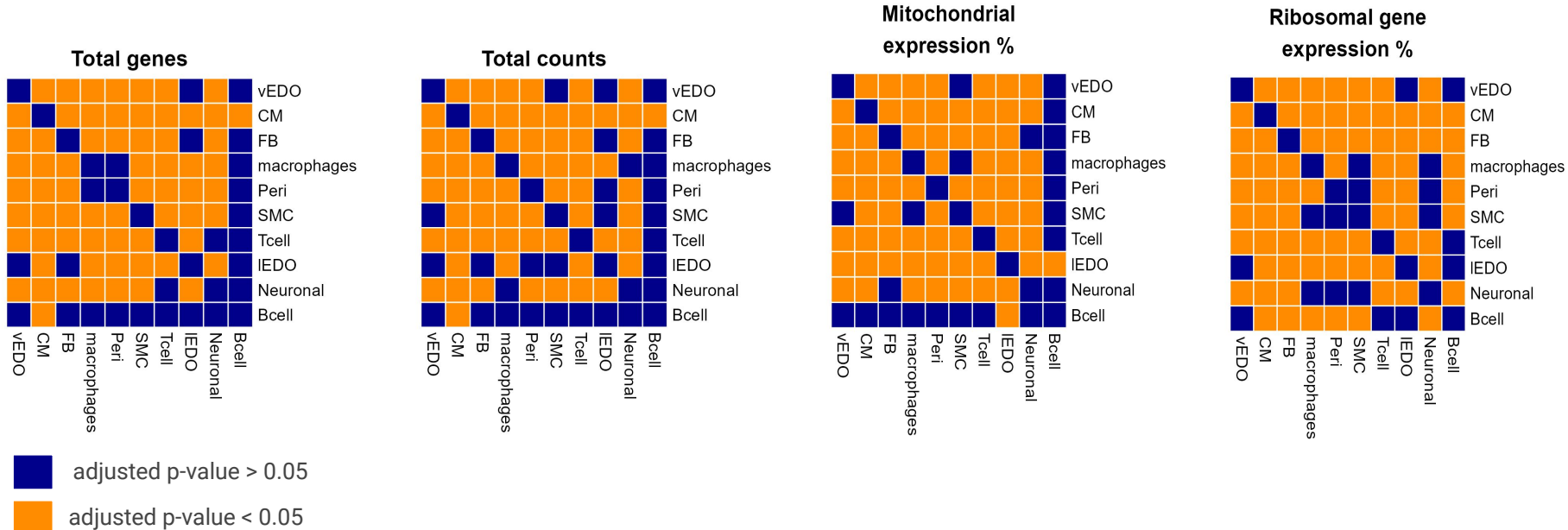
Сравнение параметров для разных типов клеток

Distributions of sequencing quality features



Боксплоты с распределениями характеристик качества секвенирования.
Средние помечены ромбиком;
Для каждого типа клеток здоровые доноры показаны справа.

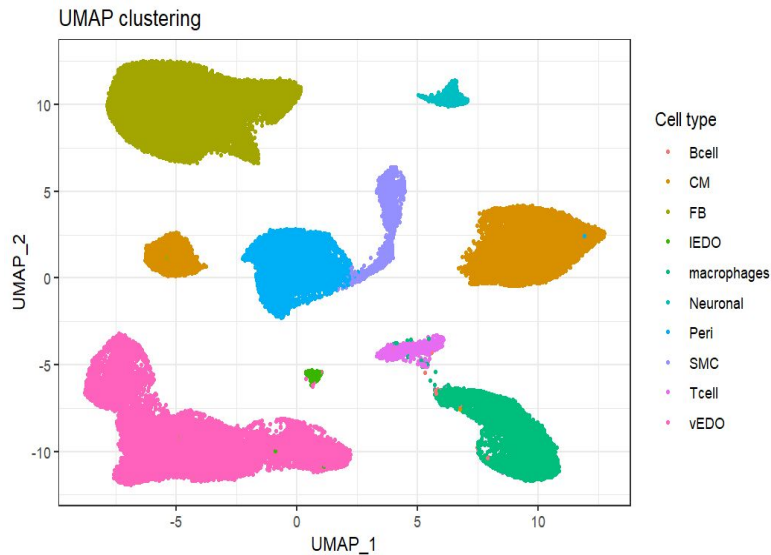
Сравнение параметров для разных типов клеток



Тепловые карты, отражающие значимость различий при попарных сравнениях.

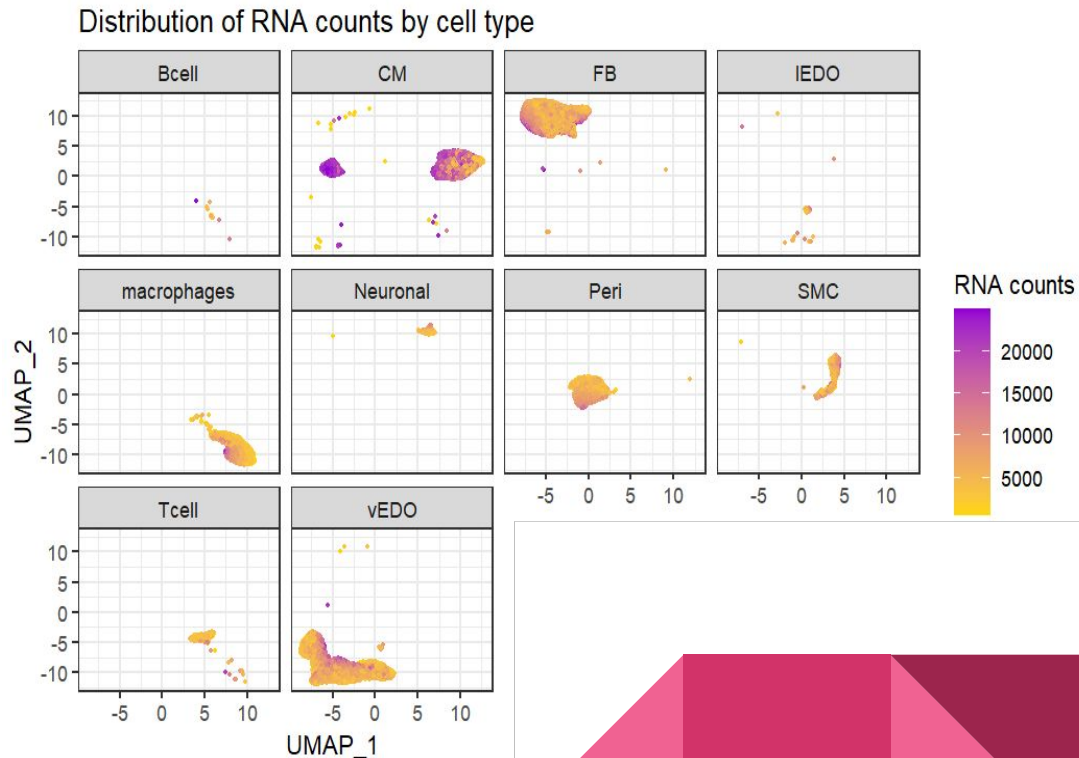
Попарные сравнения типов клеток были проведены с помощью теста Мана-Уитни. P-value были пересчитаны с использованием поправки Бонферрони.

UMAP-кластеризация

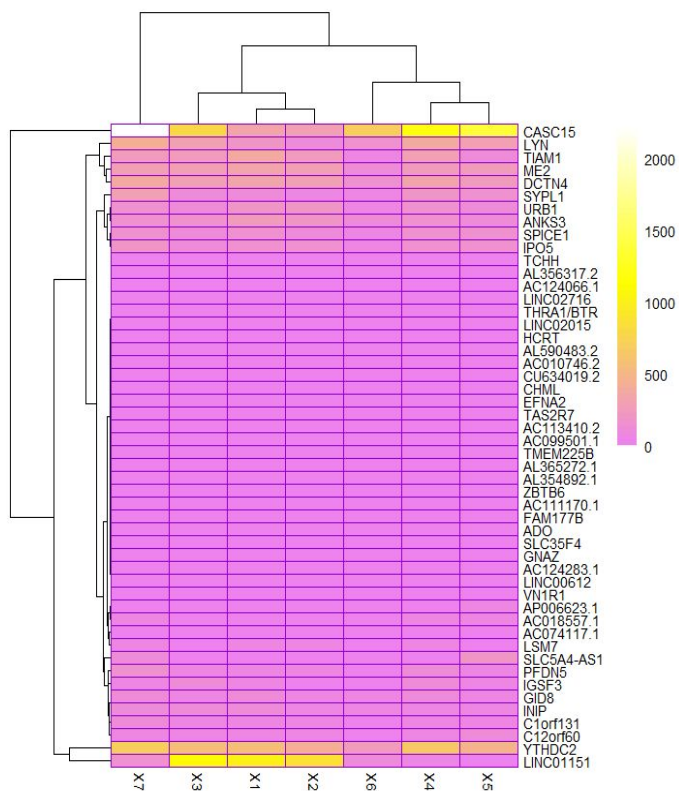


UMAP-кластеризация позволяет выделить 9 типов клеток из 10.

Среди кардиомиоцитов количество РНК на клетку заметно больше, чем для остальных типов клеток.



Сравнение экспрессии между донорами



Как можно заметить, "здоровая" группа (X1, X2, X3) кластеризуется вместе, отдельно от "больной" группы.

Ген CASC15 кодирует днкРНК, ответственную за восприимчивость к раку.

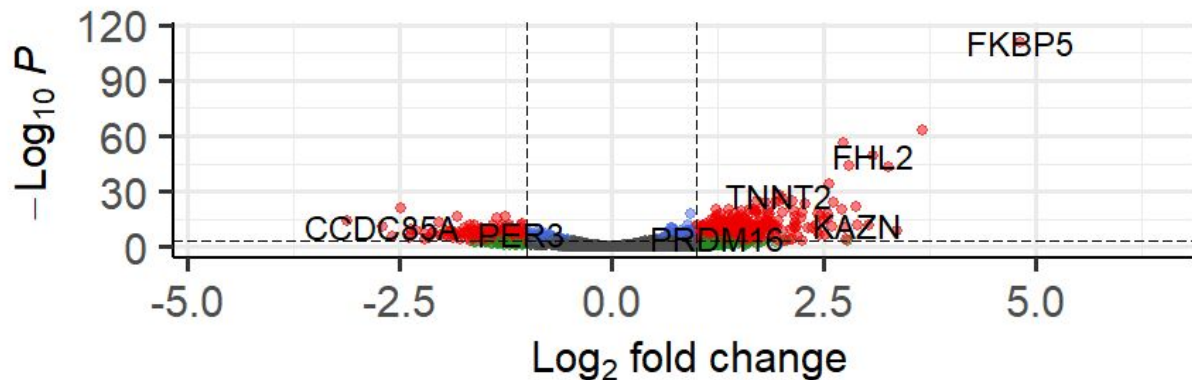
Ген LINC01151 кодирует днкРНК с неизвестной функцией.

Экспрессия у больных и здоровых

Volcano plot

EnhancedVolcano

● NS ● Log₂ FC ● p-value ● p-value and log₂ FC

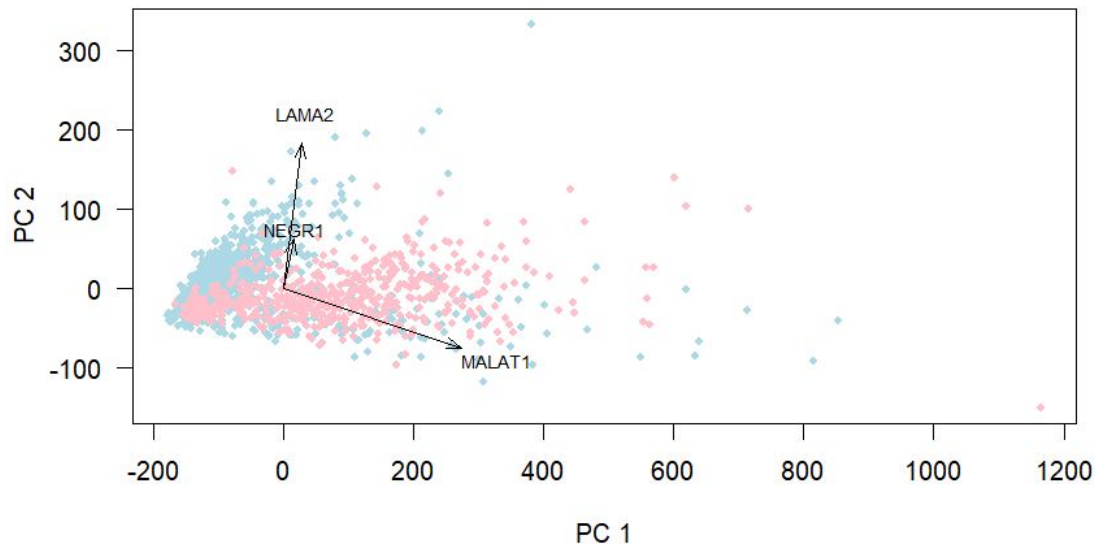


total = 31944 variables

мем меньй
Фенотип показан, а по
результатам DESeq не
отличается

gene	log2FoldChange	padj
AEBP1	-0.006563352	0.9951141

Понижение размерности для фибробластов

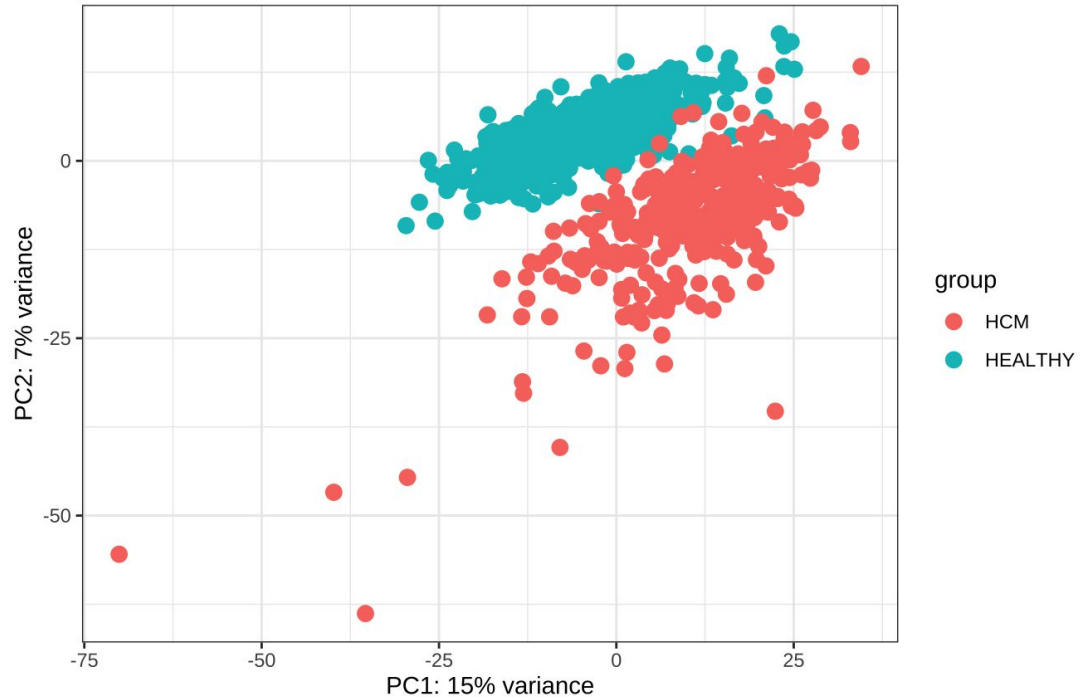


MALAT1 – связан с пролиферацией и метастазами

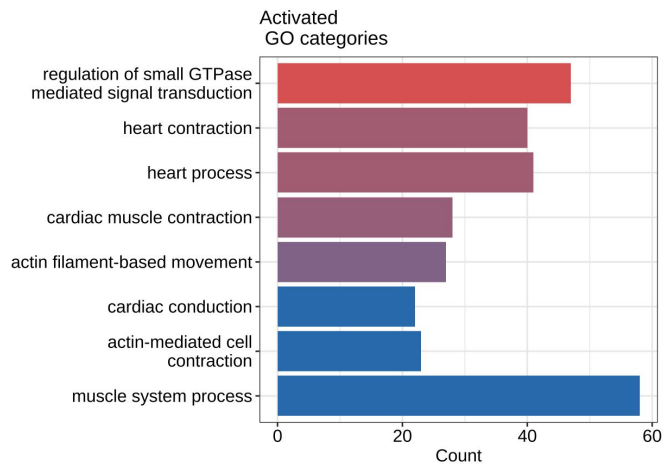
LAMA2 – ламинин, прикрепление клеток

NEGR1 – регулятор роста нейронов

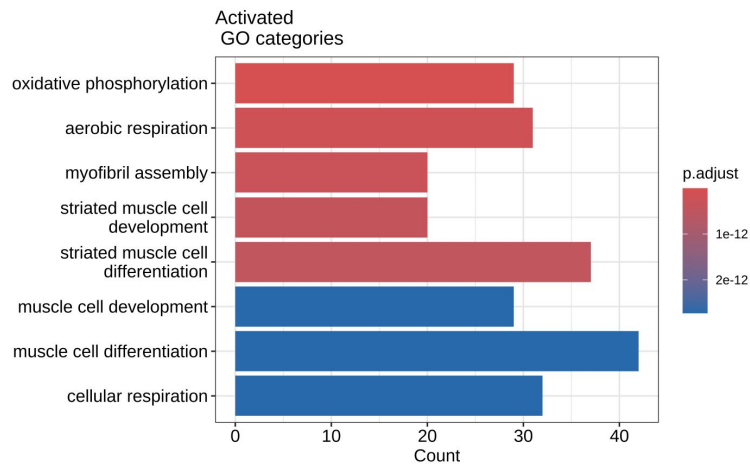
Кардиомиоциты



А в каких процессах они участвуют

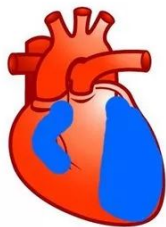


пониженная экспрессия у больных
 $p_{adj} < 0.0005$
 $\log_2\text{FoldChange} < 0$

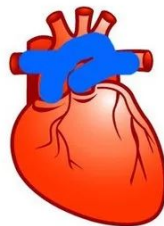


повышенная экспрессия у больных
 $p_{adj} < 0.0005$
 $\log_2\text{FoldChange} > 0$

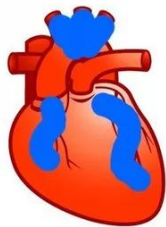
Причины боли в сердце



ишемия



стенокардия



тахикардия



проект по R