

Что у нас было:



Счастливые клетки



Клетки, у которых
мало кислорода

Polyplus.N1.sam

Polyplus.H1.sam

gene_expression.txt

IGLV3-17	1	0
LL22NC03-22A12.9	1	0
SNORD125	1	1
CLCP1	1	0
PHF5A	1051	682
GGT5	135	119
LL22NC01-81G9.3	0	0
SEC14L3	3	14
CRYBA4	1	1
HMGB1P10	0	0
SLC25A5P1	126	190
IGLJ3	1	1
IGLVV-66	1	1
TBC1D10A	2077	1527
RNU6-375P	3012	2985
SLC5A1	0	2
IGLV1-50	0	0
IGLV7-35	0	1
IGKV10R22-5	0	0
CTA-407F11.8	0	0
LL22NC03-75A1.9	0	0
EMID1	398	264

Что мы хотим?

- Найти гены, у которых уровень экспрессии различные в различных состояниях

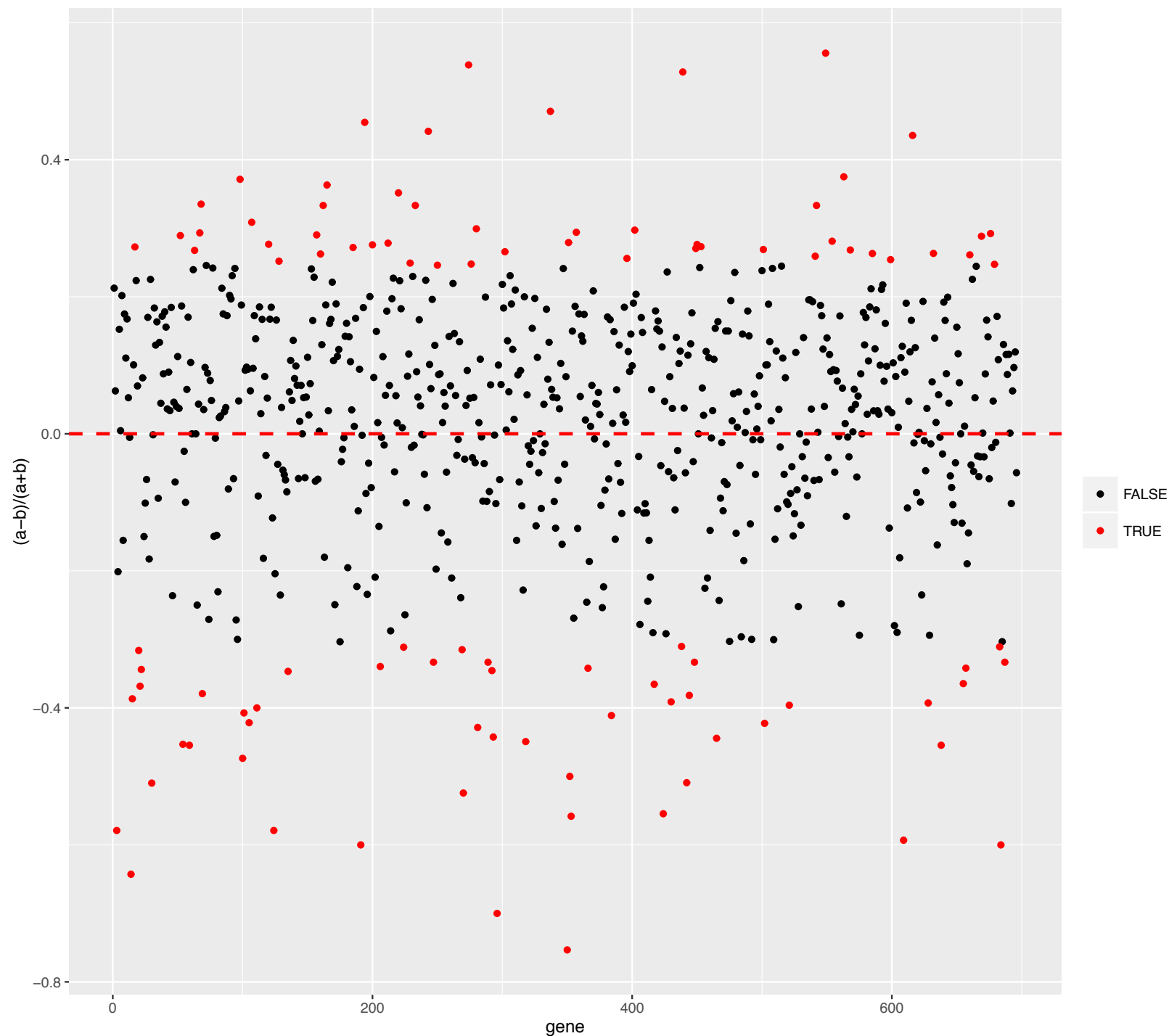
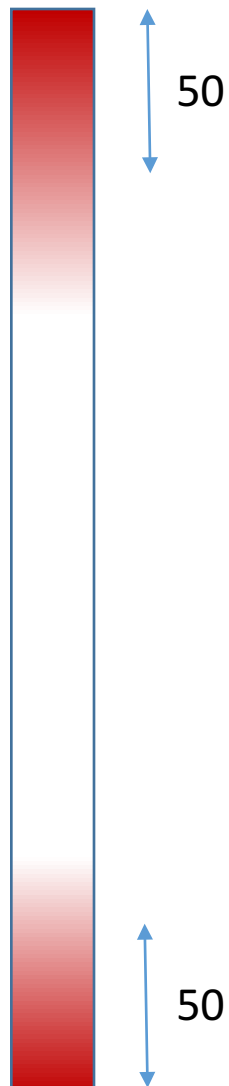
Как?

- Отфильтруем шум
- Посчитаем значение (=статистику), показывающее, как сильно изменяется экспрессия:

$$\frac{a - b}{a + b}$$

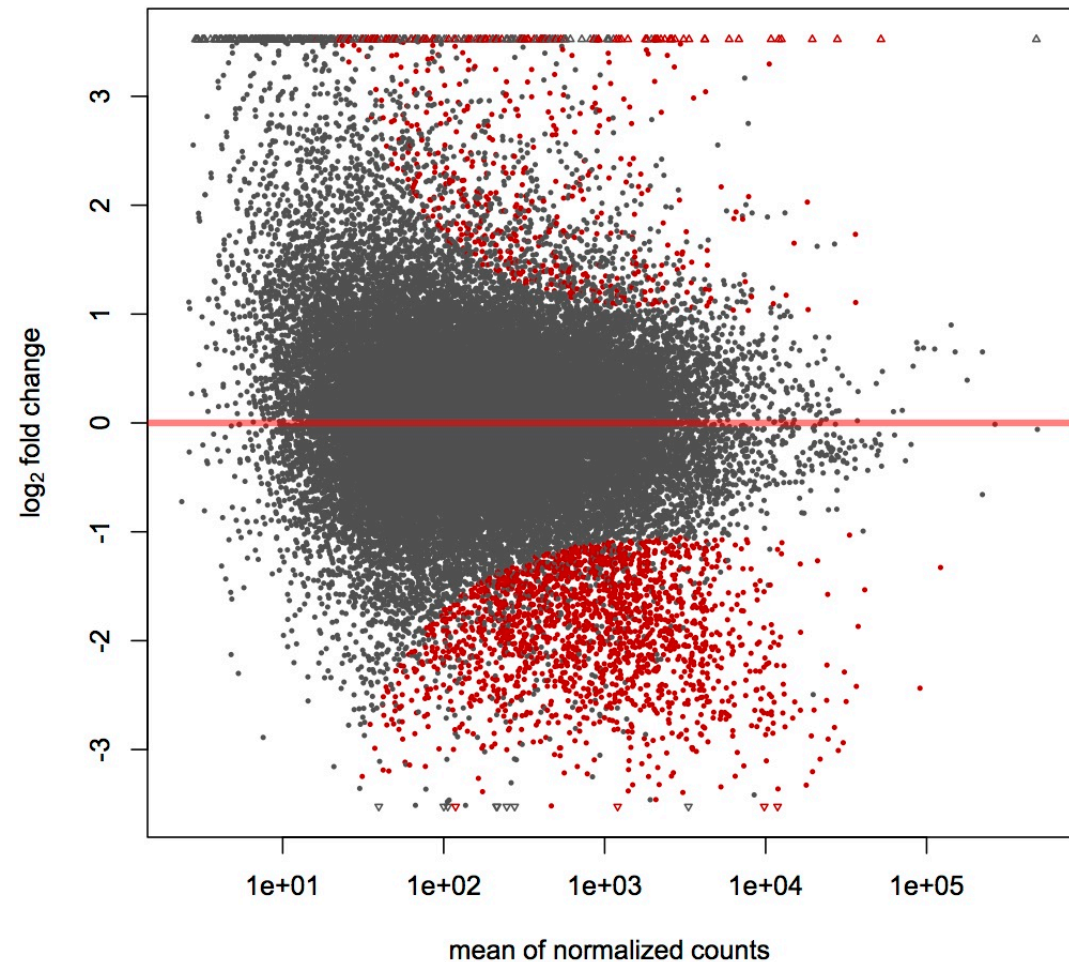
Получили:

Gene	Statistic
AC002059.10	0.5555556
AC006548.28	0.5384615
SHISA8	0.5280899
SDF2L1	0.4706406
VPREB3	0.4545455
CTA-414D7.1	0.4414414
GCAT	0.4354486
MIR3653	0.3751023
AP1B1	0.3715203
GATSL3	0.3630952
PARVB	0.3516820
CRELD2	0.3352144
RP1-102K2.9	0.3333333
APOBEC3B	0.3333333
BPIFC	0.3333333
APOBEC3A	0.3087248
LMF2	0.2992908
AP000354.2	0.2972973
C22orf24	0.2941176
IL2RB	0.2932331
CHCHD10	0.2921811
RP1-102K2.6	0.2903226



Как это делается на самом деле?

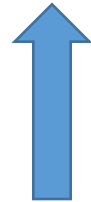
Главное: всё ещё считаем
какую-то статистику для
каждого гена, меняется
только процедура отбора



Результат



LINC00898
TTLL8
GAL3ST1
RFPL3
RFPL2
RN7SL280P
SEC14L3
LA16c-60D12.1
AP000344.4
RP1-37E16.12
RP11-191L9.5
CTA-280A3.2
RP11-191L9.4
CPSF1P1
IGLCOR22-2
AP000345.1
IGLVIVOR22-2
CECR1
RP4-539M6.14
SDC4P
AP000349.2
AL008723.1



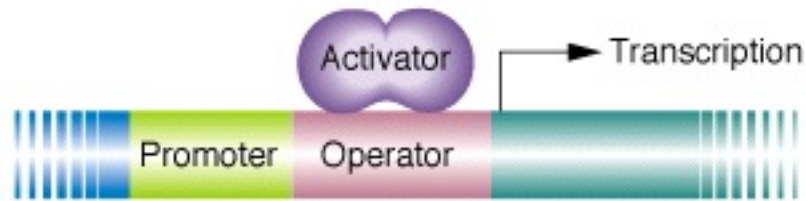
AC002059.10
column 1: character
AC000340.20
SHISA8
SDF2L1
VPREB3
CTA-414D7.1
GCAT
MIR3653
AP1B1
GATSL3
PARVB
CRELD2
RP1-102K2.9
APOBEC3B
BPIFC
APOBEC3A
LMF2
AP000354.2
C22orf24
IL2RB
CHCHD10
RP1-102K2.6

интерпретация

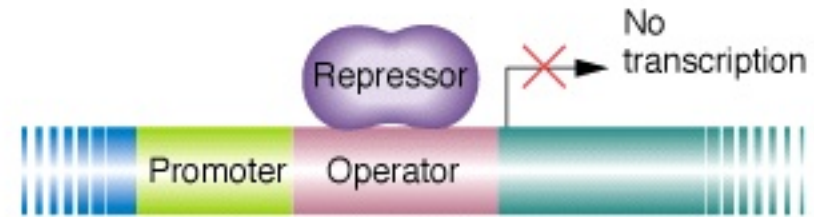


(Проекты!) Регуляция экспрессии

Positive regulation



Negative regulation



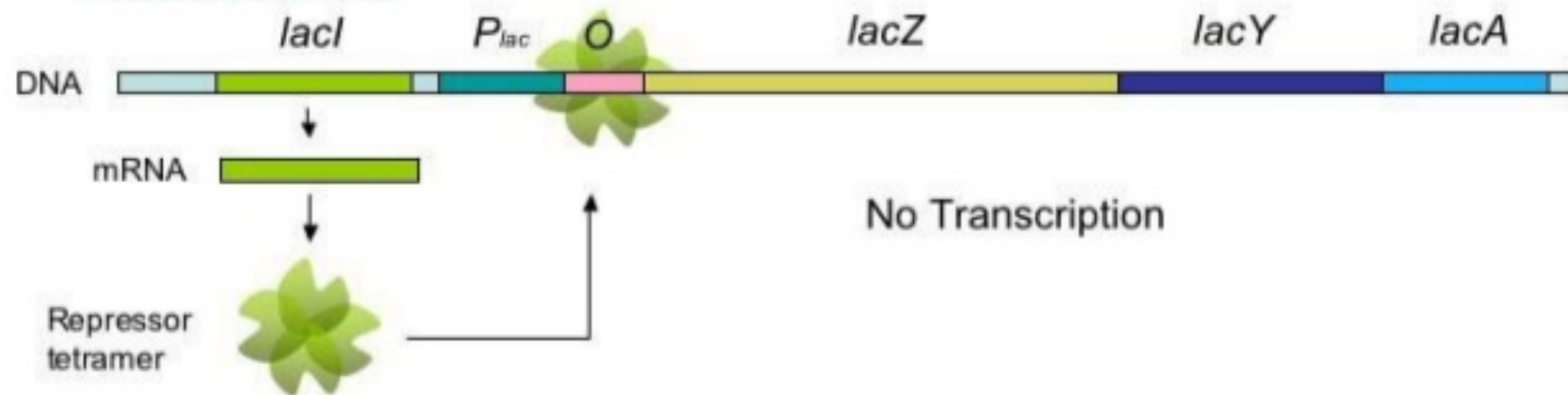
(No activator)



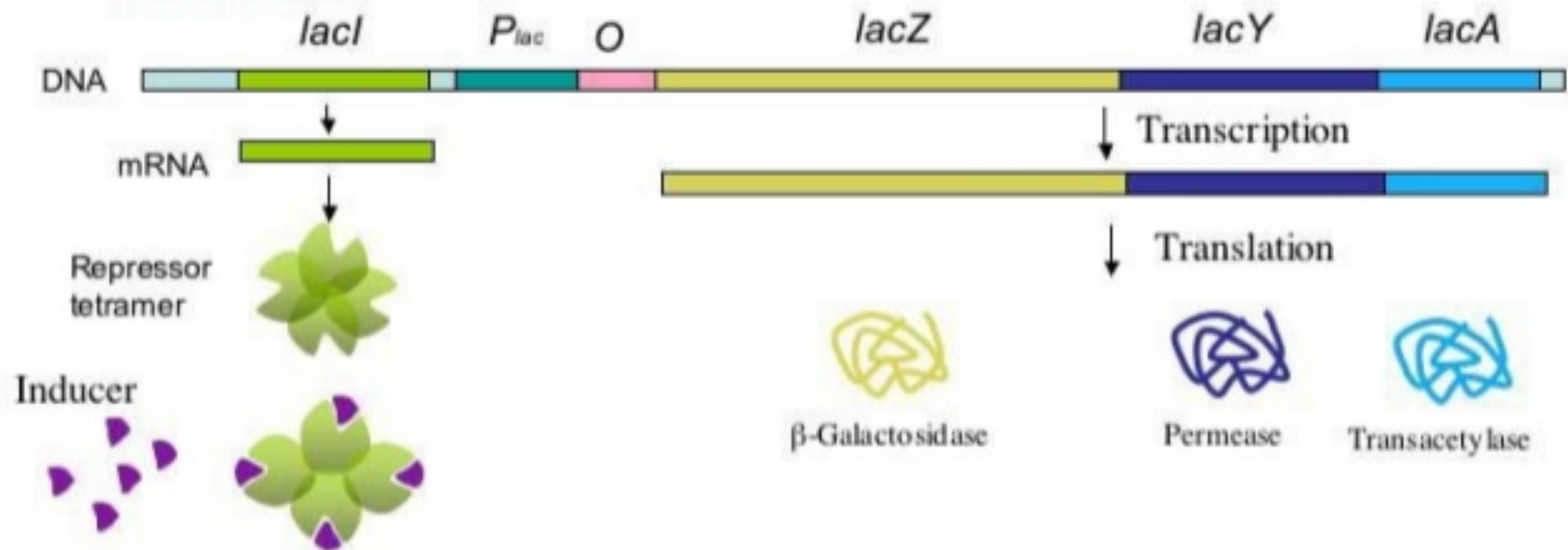
(No repressor)

The Lac Operon

Without inducer



With inducer



Что регулирует ген X?



Счастливые клетки

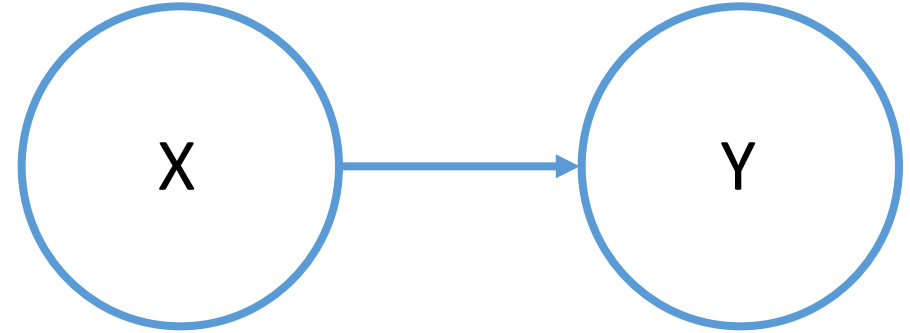


Клетки, у которых
ген X «**выключен**»

Всё, что мы делали вчера



Y



Что регулирует ген X?

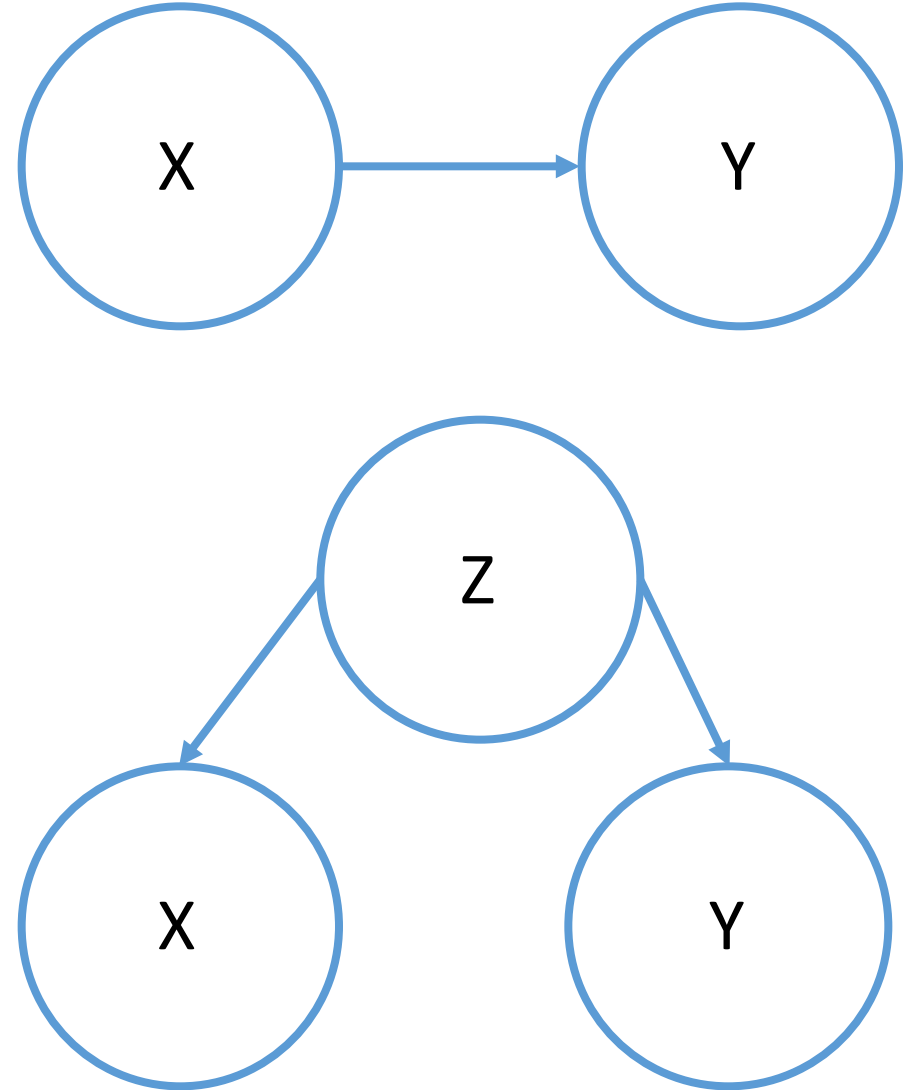


Счастливые клетки



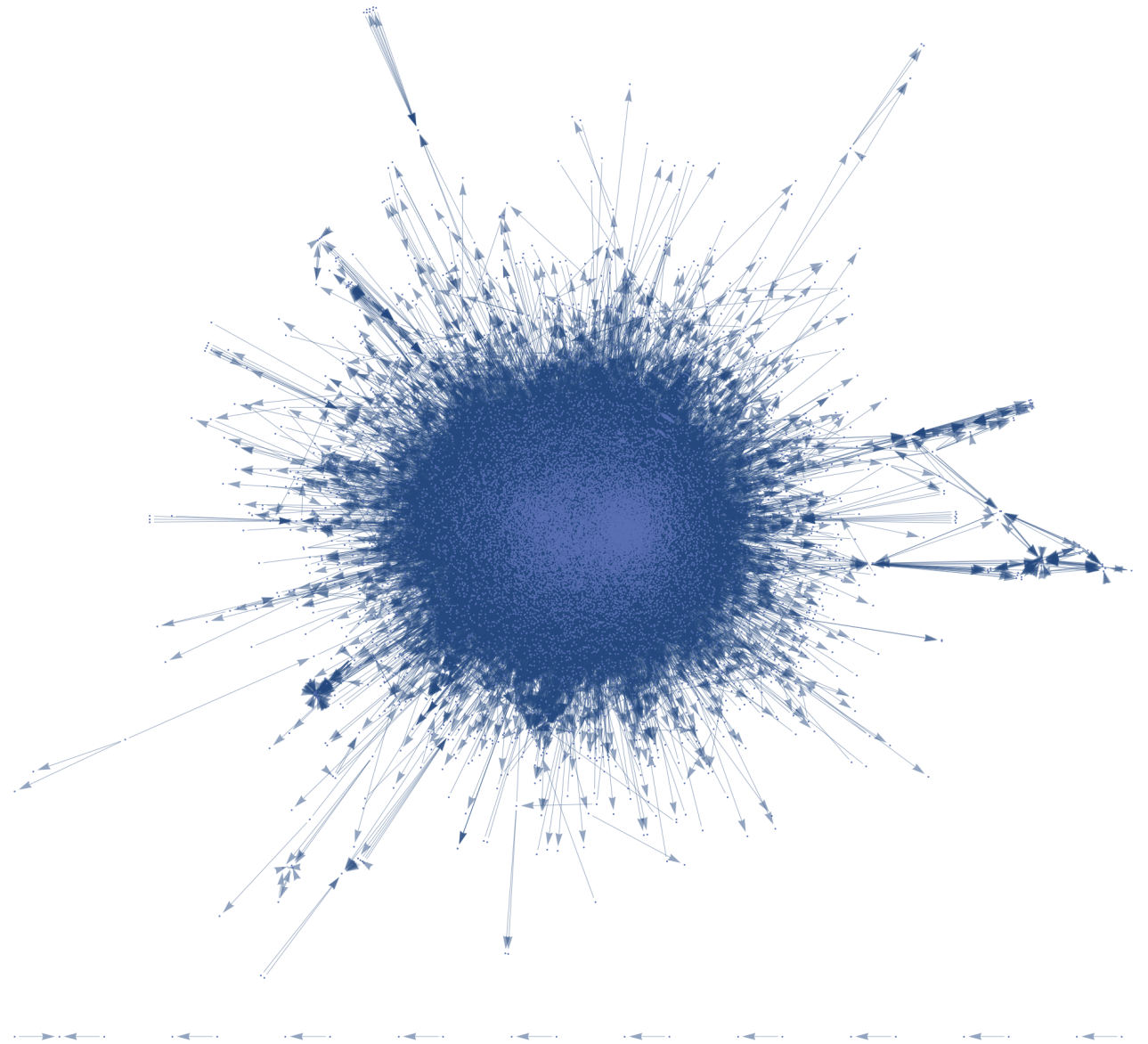
Клетки, у которых
ген X **выключен**

Всё, что мы делали вчера



Что у вас будет?

- Результаты по 12,000 выключениям разных генов в двух раках
- «Каноническая» сеть взаимодействий



Что вы должны сделать

- Построить граф взаимодействий
- Найти интересные гены (вершины) на основании:
 1. Анализа структуры графа
 2. Сравнений графов