

УДК 51.76

**КОМПЕНДИУМ И СРАВНИТЕЛЬНЫЙ АНАЛИЗ ПУБЛИЧНО ДОСТУПНЫХ
ДАННЫХ СЕКВЕНИРОВАНИЯ РНК ОДИНОЧНЫХ ЛИМФАТИЧЕСКИХ
ЭНДОТЕЛИАЛЬНЫХ КЛЕТОК**

Лупова Д.С. (Университет ИТМО),

Научный руководитель – маг-р Зайцев К.В.

(Университет ИТМО)

В данной работе представлены результаты анализа данных секвенирования РНК одиночных клеток различных тканей человека и мыши, полученных из публично доступных наборов данных. Лимфатические эндотелиальные клетки были извлечены путем поиска по заданному набору генов и совместно проанализированы. Для полученных данных были обнаружены потенциальные маркеры субпопуляций лимфатических эндотелиальных клеток.

Введение. Лимфатические эндотелиальные клетки (LEC) представляют собой тип эндотелиальных клеток, выстилающий лимфатические сосуды и лимфоузлы. Лимфатический эндотелий сосудов включает в себя различные типы клеток, ответственные за разные функции в зависимости от расположения в сосуде. Такая же клеточная гетерогенность была обнаружена и в эндотелии лимфоузлов. На данный момент известны клеточные маркеры, присутствующие во всех LEC, а также маркеры для их субпопуляций. Однако, лимфатические эндотелиальные клетки обладают тканевой специфичностью, что представляет особый интерес в плане изучения различий в экспрессии генов в разных органах и тканях. Так как извлечение LEC в больших объемах представляет определенные проблемы, довольно малое число scRNA-seq исследований фокусируется на их изучении на данный момент.

Основная часть. В целях обнаружения общедоступных наборов данных scRNA-seq, мы использовали поиск по генным сигнатурам в Single-Cell Navigator, и извлекли кластеры, содержащие клетки с повышенной экспрессией интересующих нас генов. Полученные данные были отфильтрованы используя маркеры для клеток, не принадлежащих к популяции лимфатических эндотелиальных клеток. Для дальнейшего анализа извлеченные LECs были интегрированы в один набор данных, соответственно для человека и для мыши. Каждый набор данных был обработан и подготовлен к анализу согласно стандартному рабочему процессу для данных секвенирования РНК одиночных клеток. Также было регрессировано влияние генов клеточного цикла. В результате анализа мы получили определенные кластеры клеток и смогли обнаружить соответствующие им маркеры внутри популяции лимфатических клеток. Анализ литературы показал, что некоторые из обнаруженных генов являются известными маркерами для субпопуляций лимфатических эндотелиальных клеток. Мы также обнаружили отличия в композиции и в разнообразии субпопуляций LEC в разных тканях.

Выводы. Были собраны и проанализированы наборы данных scRNA-seq, содержащие лимфатические эндотелиальные клетки человека и мыши, извлеченные из публично доступных наборов данных. Анализ полученных данных позволил нам идентифицировать клеточные кластеры и обнаружить новые потенциальные маркеры для субпопуляций лимфатических эндотелиальных клеток, которые могут в дальнейшем быть использованы для улучшения генной сигнатуры LEC, поиска на данный момент неизвестных субпопуляций, а также изучения вариабельности среди различных тканей и видов.

Лупова Д.С. (автор)

Подпись

Зайцев К.В. (научный руководитель)

Подпись