N9-EXP-03 · Struttura N9 (Svezia) · 2023 · in corso · Protocollo H

Atlante integrato dell'espressione genica

Dr.ssa Astrid Lindqvist, Dr. Erik Johansson, Dr.ssa Maja Bergström
Centro N.9 — Kiruna (Lapponia), Svezia

ABSTRACT

Contesto: L'integrazione dei dataset di RNA-seq generati dalle diverse facility è ostacolata da effetti batch tecnici e biologici. Metodo: Abbiamo costruito una pipeline di armonizzazione che corregge gli effetti batch mediante identificazione di vicini mutui più prossimi e proiezione in uno spazio latente condiviso, seguita da clustering non supervisionato e confronto dei moduli di espressione tra specie. Risultati: L'atlante integrato ha permesso il raggruppamento delle cellule per tipo cellulare anziché per dataset di origine. Sono emersi moduli di espressione conservati associati alla riparazione tissutale, condivisi tra axolotl, tartarughe e varani, suggerendo un programma trascrizionale rigenerativo comune. Conclusioni: L'atlante comparativo fornisce una risorsa per lo studio cross-specie della rigenerazione; l'interpretazione dei moduli conservati richiede validazione funzionale e attenzione ai limiti dell'ortologia tra taxa distanti.

OBIETTIVO

Integrare i dataset di RNA-seq di tutte le facility in un unico atlante comparativo.

METODO

Pipeline bioinformatica di armonizzazione batch e clustering non supervisionato tra specie.

RISULTATI E CONCLUSIONI

Emersi moduli di espressione conservati per la riparazione tissutale tra axolotl, tartarughe e varani.

BIBLIOGRAFIA

[1] Stuart T., Butler A., Hoffman P., et al. (2019). Comprehensive integration of single-cell data. Cell 177(7):1888-1902. https://doi.org/10.1016/j.cell.2019.05.031

[2] Haghverdi L., Lun A.T.L., Morgan M.D., Marioni J.C. (2018). Batch effects in single-cell RNA-sequencing data are corrected by matching mutual nearest neighbors. Nature Biotechnology 36(5):421-427. https://doi.org/10.1038/nbt.4091

[3] Korsunsky I., Millard N., Fan J., et al. (2019). Fast, sensitive and accurate integration of single-cell data with Harmony. Nature Methods 16(12):1289-1296. https://doi.org/10.1038/s41592-019-0619-0

[4] Libbrecht M.W., Noble W.S. (2015). Machine learning applications in genetics and genomics. Nature Reviews Genetics 16(6):321-332. https://doi.org/10.1038/nrg3920

Opera di finzione. Autori e risultati sono immaginari; la bibliografia elenca opere reali a solo scopo di contesto scientifico. © Eden Exotic — universo 47B1