

**S04-09**
**GAM: КОНВЕЙЕР ДЛЯ СОВМЕСТНОГО АНАЛИЗА ДАННЫХ  
ТРАНСКРИПЦИОННОГО И МЕТАБОЛИЧЕСКОГО ПРОФАЙЛИНГА**
**А. А. Сергушичев<sup>1</sup>, Э. Пирс<sup>2</sup>, М. Н. Артёмов<sup>2</sup>**
**<sup>1</sup>Университет ИТМО, Санкт-Петербург, Россия, <sup>2</sup>Университет Вашингтона в Сент-Луисе, Сент-Луис, США**

С развитием технологий высокопроизводительного транскрипционного и метаболического профайлинга появляется необходимость в средствах для их совместной обработки. Данные от этих двух типов профайлинга обладают дополняющими друг друга характеристиками. С одной стороны, транскрипционные данные полны, а метаболические – нет: все экспрессированные гены определяются через RNA-seq, но отсутствие сигнала метаболита не означает его отсутствие в клетке. С другой стороны, метаболические данные соответствуют хорошо определенной сети биохимических реакций. В то же время, транскрипционные данные могут быть соотнесены с ферментами, регулируемыми эти реакции. Таким образом, совместный анализ данных экспрессии генов и метаболитов в контексте сети химических реакций может позволить более полно рассмотреть регуляторную сеть клеток.

В этой работе представлен R-пакет GAM для совместного анализа транскрипционных и метаболических данных, а также веб-сервис, основанные на этом пакете (<https://artyomovlab.wustl.edu/shiny/gam/>). Следует заметить, что даже в случае, когда доступен только один из этих типов данных, все равно возможно провести этот анализ. Таким образом, возможно, например, рассмотреть данные об экспрессии генов в контексте метаболической сети. Предлагаемый метод анализа состоит из трех шагов. Сначала общая сеть реакций подстраивается под имеющиеся данные удалением реакций без экспрессированных ферментов. Затем сеть реакций (включая бимолекулярные реакции) отображается в граф для возможности применения существующих алгоритмов анализа. На последнем шаге в сети находится наиболее регулируемая подсеть с помощью алгоритма BioNet.

Подход GAM был применен к анализу различий между LPS+IFN $\gamma$ -стимулированными и нестимулированными мышинными макрофагами. Были найдены наиболее дифференциально экспрессированные модули, используя метаболические и транскрипционные данные как совместно, так и по отдельности. Можно отметить, что различия в регулировании цикла Кребса больше наблюдаются на метаболическом уровне, а цикл мочевины и синтез жирных кислот более заметны на транскрипционном уровне. Только совместное рассмотрение данных позволяет получить полную картину.