

СРАВНЕНИЕ ТРАНСКРИПТОМНЫХ ПРОФИЛЕЙ, ПОЛУЧЕННЫХ МЕТОДАМИ РНК-СЕКВЕНИРОВАНИЯ И МИКРОЧИПОВОГО АНАЛИЗА, ДЛЯ КОНТРОЛЯ КАЧЕСТВА КЛЕТОЧНЫХ ЛИНИЙ

Пасько А.Ю., Микрюкова А.А., Астафьева Я.Р., Галдобина М.П., Зайченко Д.М., Московцев А.А.

Институт общей патологии и патофизиологии, Москва, Россия, alexihox@gmail.com

RNA-seq и микрочипы широко применяются для анализа экспрессии генов, но их сравнение осложняется различиями в платформах. **Цель работы** — кроссплатформенное сравнение транскриптомов для выявления биологически значимых различий между независимыми культурами одной клеточной линии.

Материалы и методы: Работа проведена на клеточных линиях SCOV-3 и OVCAR-3. Лабораторные данные микрочипов получены на платформе Affymetrix HTA-2.0, транскриптом на основании RNA-seq получен из базы Cancer Cell Line Encyclopedia. Отбор дифференциально экспрессированных генов (ДЭГ) проводился по метрикам, основанных на ранжировании генов по экспрессии. Анализ обогащения — по функциональной принадлежности полученных ДЭГ. Для исключения межплатформенных артефактов проведена валидация на эталонных данных, где одна культура исследовалась обоими методами.

Результаты: В лабораторных культурах обнаружена, с частичным перекрытием, гиперэкспрессия генов, ассоциированных с онтологиями клеточного старения. Статистически значимых гипозэкспрессированных онтологий не было выявлено. Анализ эталонных данных показал отсутствие пересечения ДЭГ с нашими результатами, что исключает межплатформенную обусловленность последних. Таким образом, протестирован подход для анализа гетерогенных данных, сочетающий микрочипы и RNA-seq, что актуально в условиях роста использования транскриптомных ресурсов, и для исследований с ограниченным бюджетом.

Финансирование: Исследование выполнено при финансовой поддержке Фонда научно-технологического развития Югры в рамках научного проекта № 2024-108-05.

COMPARISON OF TRANSCRIPTOME PROFILES OBTAINED BY RNA-SEQUENCING AND MICROARRAY ANALYSIS FOR QUALITY CONTROL OF CELL LINES

Pasko Alexey Yu., Mikryukova Anna. A., Astafeva Yana R., Galdobina Maria P., Zaichenko Danila M., Moskovtsev Alexey A.

Institute of General Pathology and Pathophysiology, Moscow, Russia, alexihox@gmail.com

RNA-seq and microarrays are widely used for gene expression analysis, but their comparison is complicated by platform-specific differences. **This study aimed** to perform a cross-platform comparison of transcriptomes to identify biologically significant differences between independently cultured populations of the same cell line.

Materials and Methods: The study was conducted on SCOV-3 and OVCAR-3 cell lines. Microarray data were obtained using the Affymetrix HTA-2.0 platform, while RNA-seq transcriptome data were retrieved from the Cancer Cell Line Encyclopedia. Differentially expressed genes (DEGs) were identified using expression-based ranking metrics. Enrichment analysis was performed based on the functional categories of the identified DEGs. To eliminate platform-specific artifacts, validation was conducted using reference data, where the same culture was analyzed by both methods.

Results: Laboratory cultures exhibited hyperexpression of genes associated with cellular senescence ontologies, with partial overlap between datasets. No statistically significant hypoexpressed ontologies were identified. Analysis of reference data showed no overlap of DEGs with our results, ruling out platform-driven effects. Thus, an approach was tested for analyzing heterogeneous data by integrating microarray and RNA-seq platforms, which is relevant given the growing use of transcriptomic resources and for studies with limited budgets.

Funding: The reported study was funded by Foundation for Scientific and Technological Development of Yugra, project number № 2024-108-05.