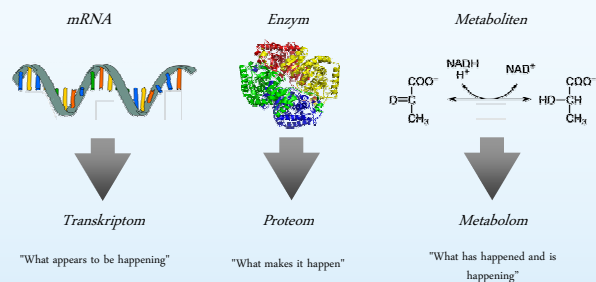


Integrierte „Omics“ Datenanalyse für Systembiologie

B. Schöpke, U. Jandt, A.-P. Zeng¹

Als Teil des BMBF-Projekts SysLogics wird die humane Produktionszelllinie AGE1.HN der Firma ProBioGen untersucht. Die Zelllinie wird unter verschiedenen Kultivierungsbedingungen getestet: Batch-Kultivierung, Hochzelldichtekultivierung, Starvation-Experimente u.a. Im Zentrum des Projekts stehen zwei Batch-Kultivierungen, aus denen die Zeitverläufe von Transkriptom, Proteom und Metabolom untersucht werden. Die beiden Kultivierungen der Produktionszelllinie stellen ein biologisches Replikat dar und wurden in einem 20L Edelstahlbioreaktor durchgeführt. Als Teil des Arbeitspakets 4 werden diese "Omics" Datensätze analysiert, mit besonderem Fokus auf den Transkriptomdaten, um ein verbessertes Verständnis des Zellstoffwechsels zu erlangen. Dafür werden verschiedene Analysemethoden wie Clustering und Singulärwertzerlegung angewendet.

Die „Omics“ Kaskade



(Dettmer K, Aronov P and Hammock B (2007). Mass spectrometry-based metabolomics. Mass spectrometry reviews, 26(1):51-78.)

Vergleich eines biologischen Replikats

Pearson Korrelationskoeffizient,
Spearman Rank, Clustering...

$$r = \frac{1}{n-1} \frac{\sum_{i=1}^n (X_i - \bar{X})(Y_i - \bar{Y})}{\sigma_X \sigma_Y}$$

σ Standardabweichung, \bar{X} Mittelwert

Singulärwertzerlegung,
Hauptkomponentenanalyse

$$M = U \Sigma V^*$$

U „Vorzeichen und Faktor“, Σ Singulärwerte, V Eigenvektoren

Gen-Gen Korrelationsnetzwerk, TC-Methode,
Pearson Korrelationskoeffizient

Scoring Matrices:
if $Xet_i^{j+1} = Yet_i^{j+1}, P_{i,j} = P_{i-1,j-1} + 1$; else $P_{i,j} = P_{i-1,j-1}$
if $Xet_i^{j+1} \cdot Yet_i^{j+1} < 0, N_{i,j} = N_{i-1,j-1} + 1$; else $N_{i,j} = N_{i-1,j-1}$
 Xet_i^{j+1} Change trend, $P_{i,j}$ Positive Matrix, $N_{i,j}$ Negative Matrix

Experiment 1 vs. **Experiment 2**

Expression einzelner Gene

Muster vieler Gene

Netzwerk

✗

✓

✓

Diese Untersuchungen lassen auf eine komplexe Regulation des Zellstoffwechsels in den unterschiedlichen "Omics" Levels schließen. Das Transkriptom weist dabei die höchste Variabilität auf, was auf einen hohen Regulationsgrad auf der Ebene der Genexpression hinweist. Die Gen-Gen Korrelationen in beiden Datensätzen sind stark konserviert.

Suche & Biete

Suche:

- „Omics“-Daten:
- Transkriptom, Proteom und Metabolom von Säugerzellkultivierungen
- Biologische und technische Replikate

Biete:

- Bioinformatik:
- Analyse metabolischer Netzwerke
- Daten- und Netzwerk-Clustering
- Singulärwertzerlegung
- Gen-Gen Korrelationsnetzwerk

Contact

¹Prof. Dr. rer. nat. A.-P. Zeng
Hamburg University of Technology
Institute of Bioprocess- and Biosystems Engineering, Denickestr. 15, D-21073 Hamburg, Germany
Phone: ++49 / 40 / 42878-4183, e-mail: azeng@tuhh.de

Hamburg University of Technology

Acknowledgement:

This Project is funded by the BMBF Program "FORSYS Partner"