

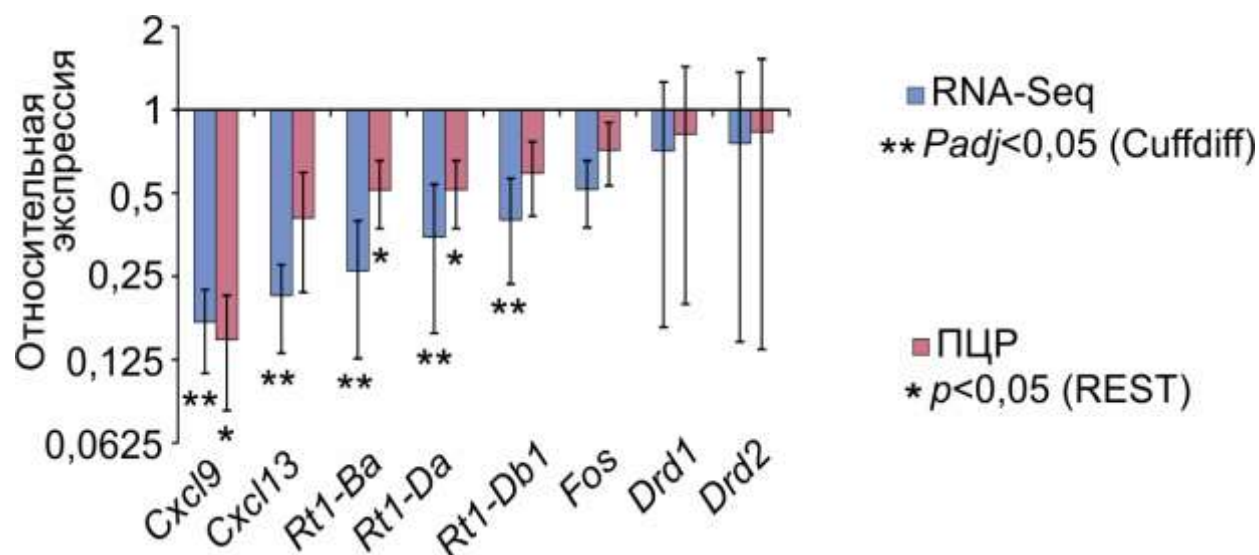


Рис. П1. Проверка результатов RNA-Seq с помощью ПЦР в реальном времени. Показаны данные для сравнения «норма + семакс» (NS) и «норма + физраствор» (NV). Пять генов (*Cxcl9*, *Cxcl13*, *Rt1-Ba*, *Rt1-Da* и *Rt1-Db1*) с $P_{adj} < 0,05$ (Cuffdiff), а также три других гена были выбраны для ПЦР-анализа. P_{adj} – значение вероятности p (t-тест), скорректированное с поправкой Бенджамини-Хохберга. Расчеты ПЦР были проведены с использованием Relative Expression Software Tool (REST) 2005 software. При сравнении групп данных ПЦР статистически значимыми считались различия со значением вероятности $p < 0,05$ (two-sided Pair-Wise Fixed Reallocation Randomization Test). Для нормализации результатов ПЦР использовали данные об экспрессии генов сравнения *Gapdh* и *Rpl3*. При анализе с помощью ПЦР в каждую группу сравнения входило по пять животных, с помощью RNA-Seq – по три животных. Данные представлены как среднее $\pm$ стандартная ошибка среднего.

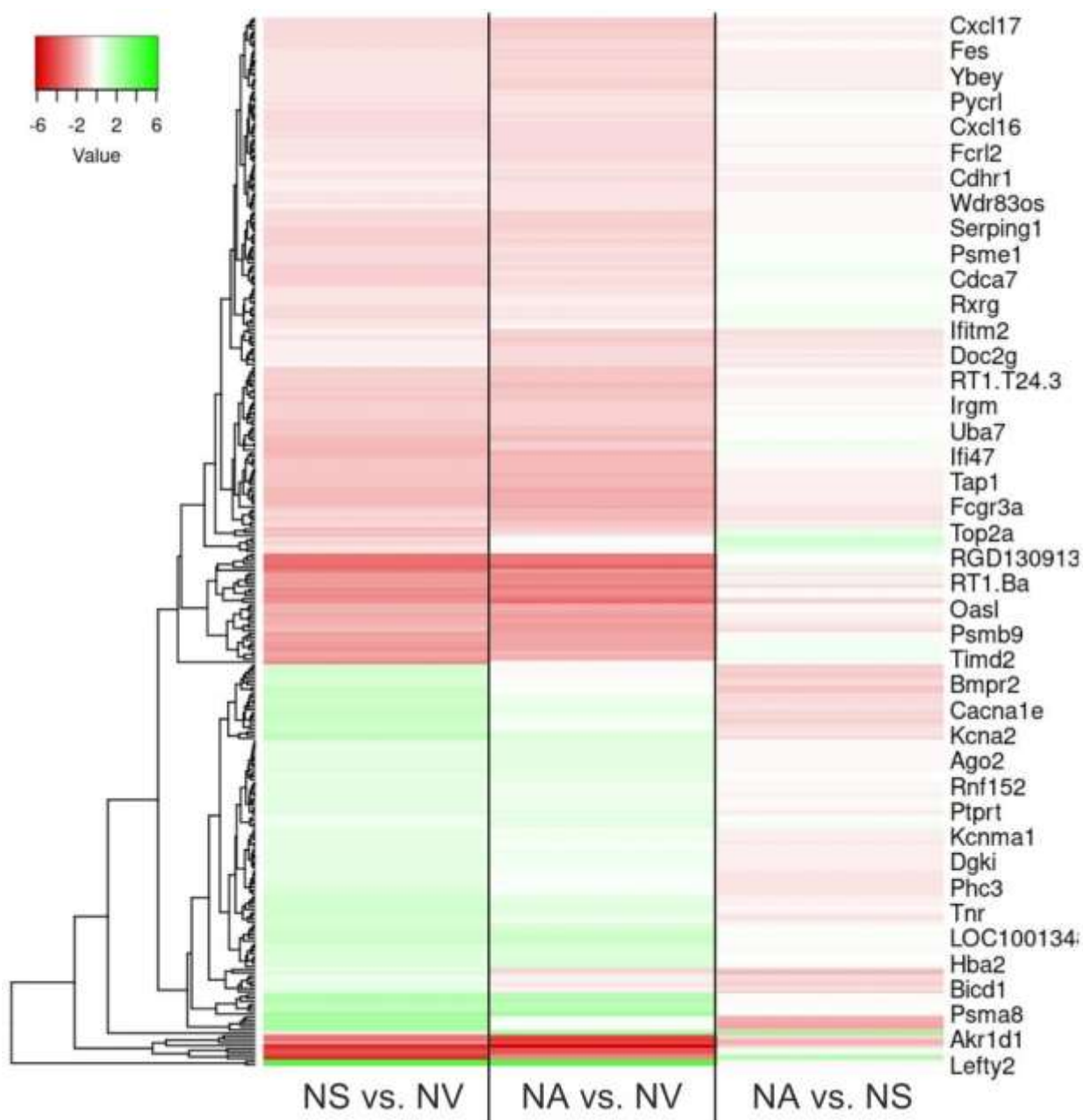


Рис. П2. Иерархический кластерный анализ всех ДЭГ в трех попарных сравнениях «норма + семакс» относительно «норма + физраствор» (NS vs. NV), «норма + АКТГ(6-9)PGP» относительно «норма + физраствор» (NA vs. NV) и «норма + АКТГ(6-9)PGP» относительно «норма + семакс» (NA vs. NS). Каждый столбец представляет группу сравнения, а каждая строка представляет ген. Зеленые полосы представляют максимальное повышение, а красные – максимальное снижение относительной экспрессии. В каждую группу сравнения входило по три животных.