

基于生物信息学分析的非小细胞肺癌诊断预后相关基因的筛选

汇报人：

2024-02-06

目录

- 引言
- 生物信息学分析流程
- 非小细胞肺癌相关基因筛选
- 实验验证与结果分析
- 生物信息学在非小细胞肺癌研究中的应用前景



The background is a traditional Chinese ink wash painting. It depicts a vast, misty mountain range with various peaks and ridges. In the foreground, a small boat with a person in a red robe is on a body of water. The sky is filled with several birds in flight. The overall style is minimalist and atmospheric, using shades of gray and black ink on a white background.

01

引言



背景与意义



非小细胞肺癌（NSCLC）是最常见的肺癌类型，预后较差，早期诊断和治疗对改善患者生存至关重要。



生物信息学利用计算机技术对生物数据进行处理和分析，为NSCLC的诊断和预后提供了新的思路 and 手段。

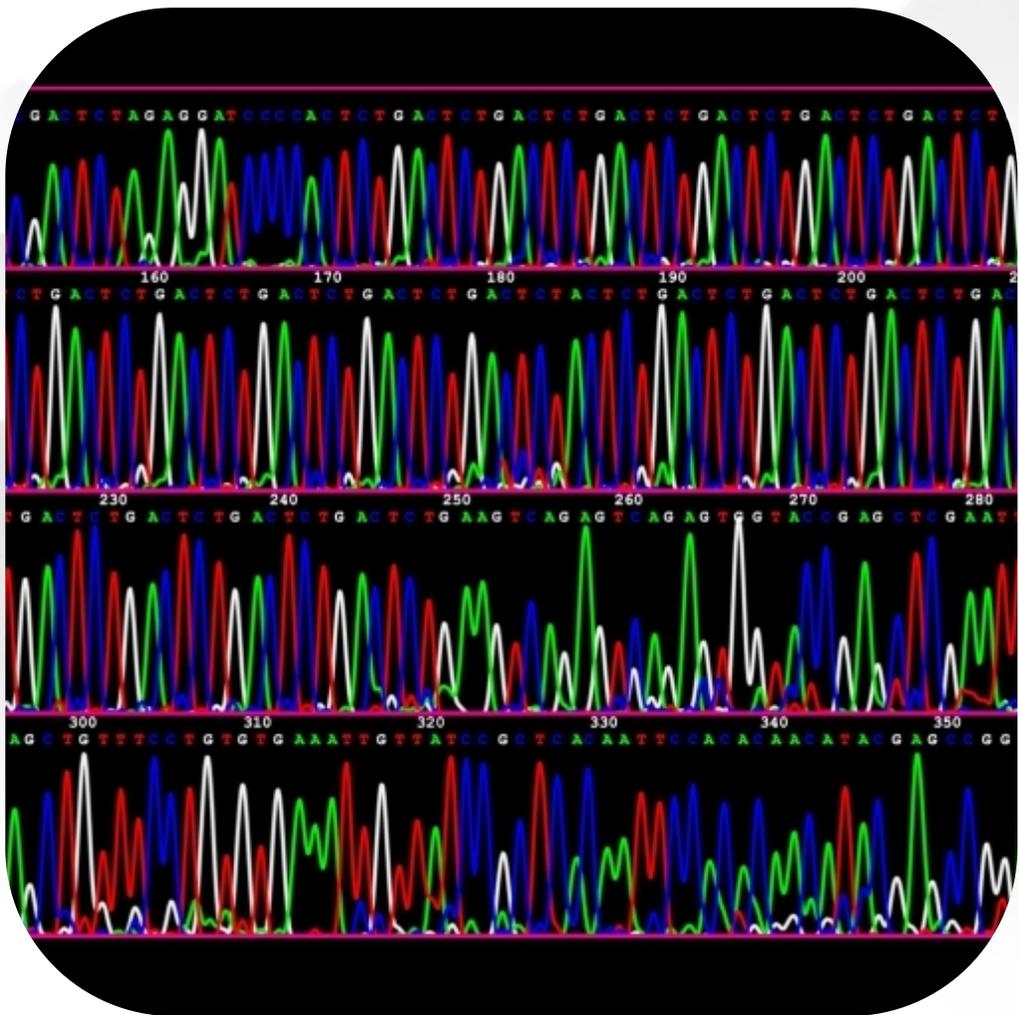


通过筛选NSCLC相关的关键基因，有助于深入了解其发病机制和进展过程，为临床诊断和治疗提供新的靶点和策略。





研究目的和方法



研究目的

利用生物信息学方法筛选NSCLC诊断预后相关的关键基因，并探讨其在NSCLC发生发展中的作用机制。

研究方法

采用基因表达谱芯片数据，结合临床病理资料，运用生物信息学分析方法和统计学原理，筛选NSCLC相关的差异表达基因，并通过功能注释和通路分析等方法进一步挖掘关键基因。





数据来源与预处理



数据来源

从公共数据库下载NSCLC基因表达谱芯片数据和相应的临床病理资料。

数据预处理

对下载的芯片数据进行归一化处理，去除批次效应和背景噪声等干扰因素，提高数据的质量和可比性。同时，对临床病理资料进行整理和分类，便于后续的分析 and 挖掘。



The background is a traditional Chinese ink wash painting. It depicts a misty mountain landscape with several peaks of varying heights. In the foreground, a small boat with a person in a red robe is on the water. In the upper left, a group of birds is flying. The overall style is soft and atmospheric, with a focus on natural elements.

02

生物信息学分析流程



基因表达谱分析



01

数据预处理

对原始基因表达数据进行清洗、归一化和标准化处理，以消除技术变异和批次效应。

02

表达谱可视化

利用热图、箱线图等可视化方法展示基因在不同样本中的表达模式。

03

表达谱比较

通过统计学方法比较不同组别（如肿瘤组与正常组）间基因表达的差异。





差异表达基因筛选

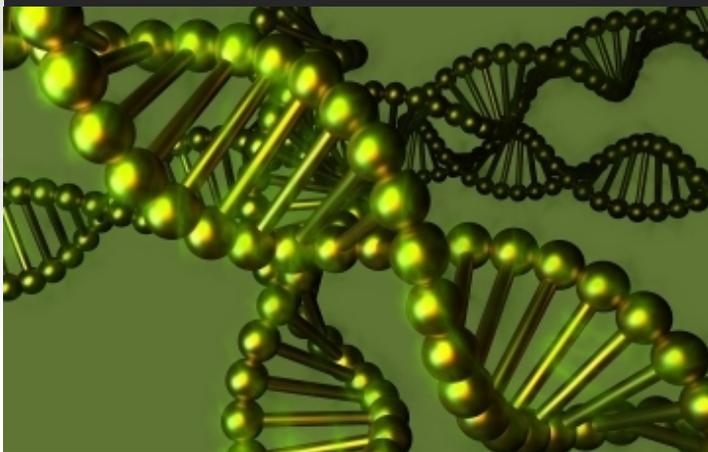
差异表达分析

采用T检验、方差分析等方法筛选在肿瘤组与正常组间显著差异表达的基因。



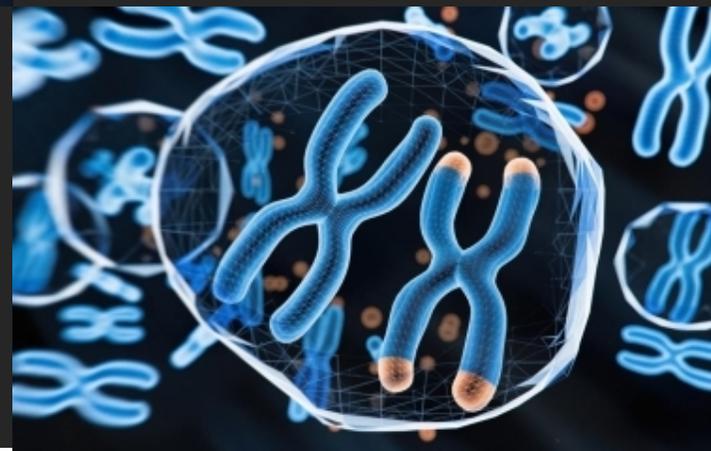
筛选标准设定

根据实际需求设定差异表达倍数和显著性水平等筛选标准。



多重检验校正

应用Benjamini-Hochberg等方法对差异表达基因进行多重检验校正，控制假阳性率。





功能注释与富集分析



基因功能注释

利用生物信息学数据库对差异表达基因进行功能注释，包括基因本体论（GO）注释和京都基因与基因组百科全书（KEGG）通路注释等。

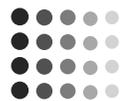
富集分析

通过超几何分布检验等方法分析差异表达基因在特定生物过程、分子功能和代谢通路中的富集情况。

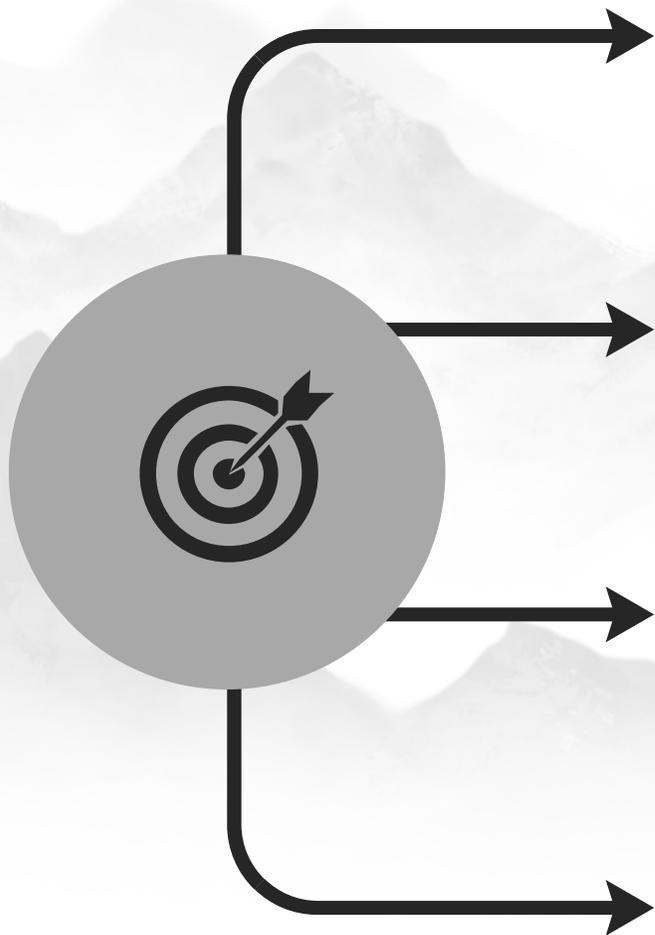
结果可视化

利用气泡图、柱状图等可视化方法展示富集分析结果。





蛋白质互作网络构建



蛋白质互作数据获取

从生物信息学数据库中获得差异表达基因编码蛋白质的互作数据。

网络构建

利用Cytoscape等软件构建蛋白质互作网络，并分析网络拓扑结构特征。

模块挖掘

采用MCODE等算法挖掘网络中的功能模块，并分析模块与疾病发生发展的关联。

关键节点识别

通过网络拓扑结构特征和生物信息学方法识别网络中的关键节点（如枢纽蛋白），并探讨其在非小细胞肺癌发生发展中的作用机制。



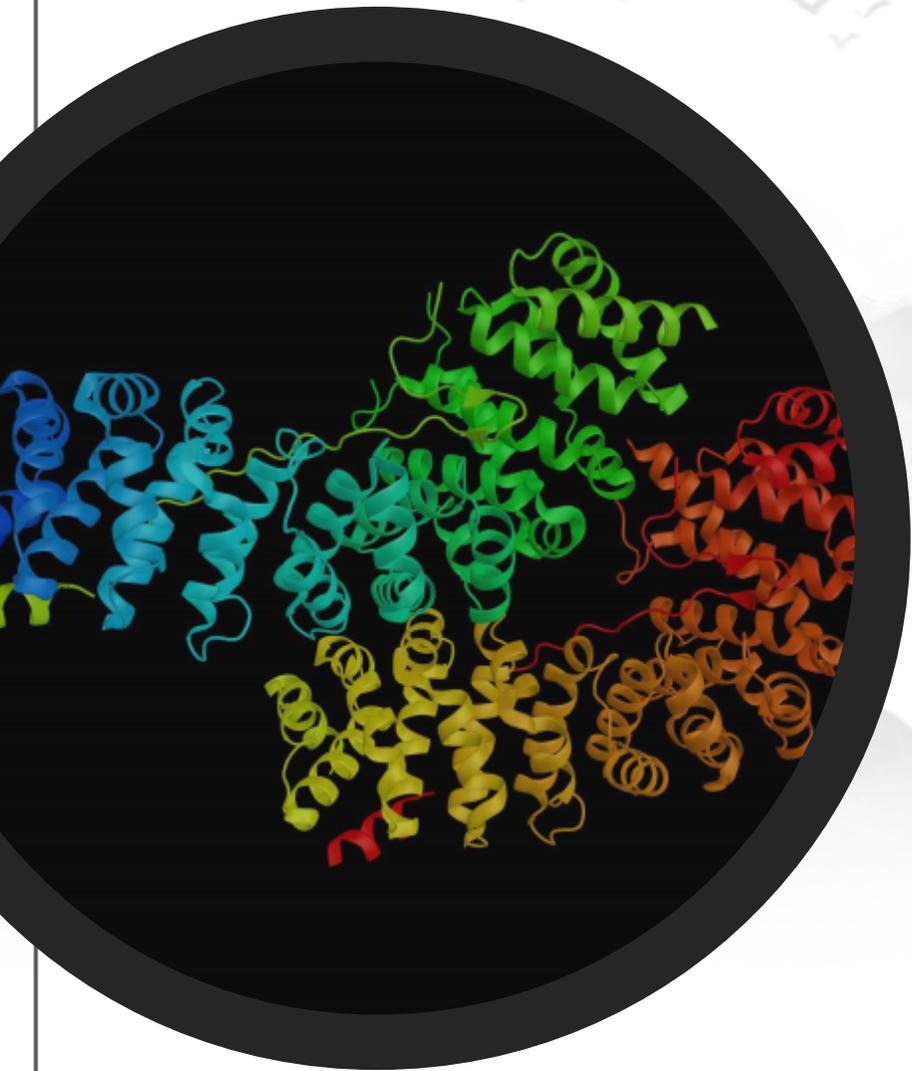
The background features a traditional Chinese ink wash painting style. It depicts a vast landscape with misty, layered mountains. In the foreground, a small boat with a person in a red garment is on a body of water. Several birds are shown in flight in the upper left portion of the sky. The overall tone is serene and atmospheric.

03

非小细胞肺癌相关基因筛选



肺癌相关基因数据库检索



01

利用公共数据库资源，如TCGA、GEO等，检索非小细胞肺癌相关基因表达数据。

02

整合多个数据库资源，对比分析不同数据集中肺癌相关基因的表达模式。

03

筛选出在多个数据集中均表现出显著差异的肺癌相关基因。



以上内容仅为本文档的试下载部分，为可阅读页数的一半内容。如要下载或阅读全文，请访问：
<https://d.book118.com/016144234021010145>