

# 中性粒细胞型哮喘差异表达基因的生物信息学分析及其潜在治疗药物筛选

汇报人:

2024-01-24



# CATALOGUE

## 目录

- 引言
- 中性粒细胞型哮喘差异表达基因分析
- 生物信息学在差异表达基因研究中的应用
- 潜在治疗药物筛选策略及方法
- 实验验证与结果讨论
- 总结与展望





# PART 01

# 引言



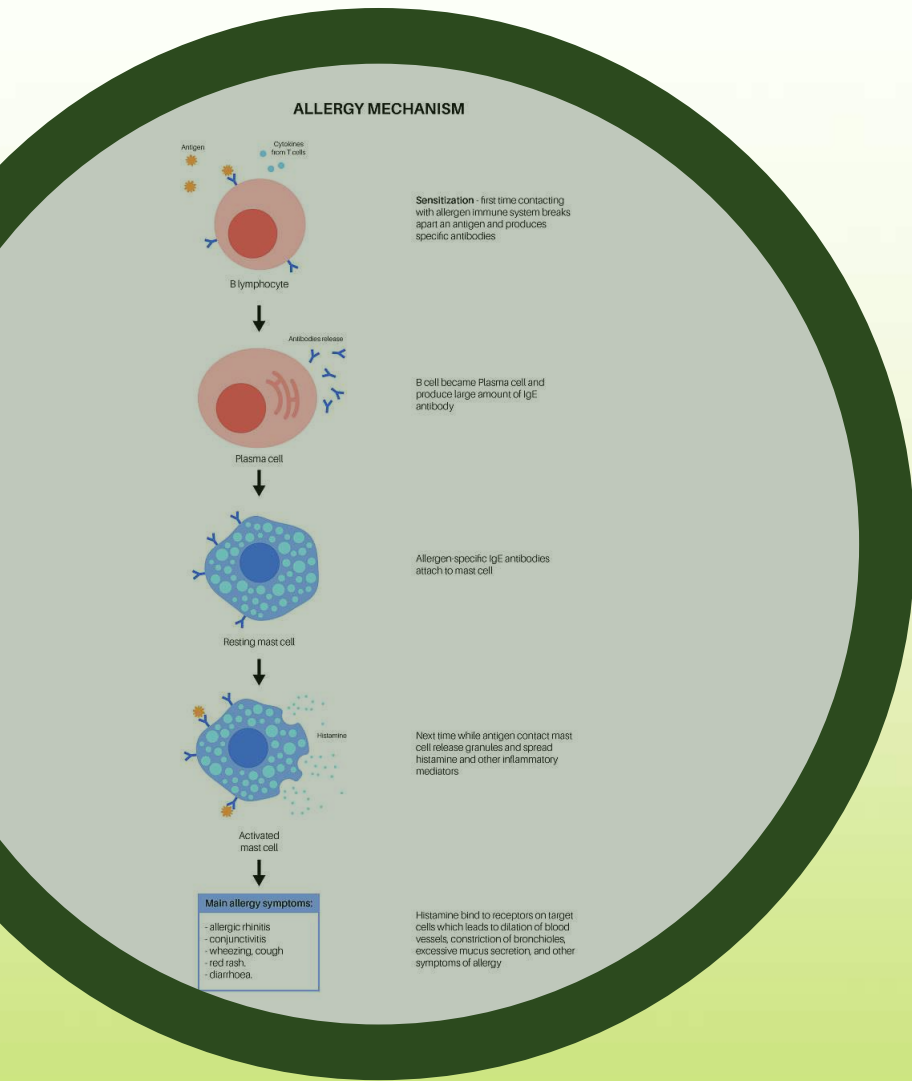
REPORTING



CATALOGUE



# 哮喘概述



01

哮喘是一种慢性炎症性疾病，影响气道并导致反复发作的喘息、气促、胸闷和咳嗽等症状。

02

哮喘的全球患病率和死亡率均较高，对患者的生活质量和社会经济造成严重影响。

03

哮喘的发病机制涉及遗传、环境、免疫等多个方面，其中免疫炎症反应在哮喘的发病中起重要作用。



# 中性粒细胞型哮喘特点



中性粒细胞型哮喘是一种特殊类型的哮喘，以中性粒细胞浸润为主，与嗜酸性粒细胞型哮喘不同。

中性粒细胞型哮喘患者通常对激素治疗不敏感，因此需要寻找新的治疗策略。



中性粒细胞型哮喘的发病机制涉及中性粒细胞活化、炎症介质释放和气道重塑等多个环节。



# 研究目的与意义



## 01

通过生物信息学分析中性粒细胞型哮喘的差异表达基因，揭示其发病机制和潜在治疗靶点。

## 02

筛选针对中性粒细胞型哮喘潜在治疗药物，为临床治疗提供新的候选药物和策略。

## 03

促进对中性粒细胞型哮喘的深入认识，为精准医疗和个体化治疗提供理论支持和实践指导。



## PART 02

# 中性粒细胞型哮喘差异表达基因分析





# 基因芯片技术原理及应用



## 原理

基因芯片技术是一种高通量的基因表达分析技术，利用微阵列技术在固相支持物上固定大量已知序列的寡核苷酸或cDNA片段，与待测样品进行杂交，通过检测杂交信号的强度来获取基因表达信息。

## 应用

基因芯片技术可用于中性粒细胞型哮喘差异表达基因的筛选和鉴定，通过比较哮喘患者和健康人之间基因表达的差异，发现与哮喘发病相关的关键基因。





# 差异表达基因筛选方法



## 基于表达量的筛选

通过设定一定的表达量阈值，筛选出表达量高于或低于该阈值的基因作为差异表达基因。

## 基于统计学方法的筛选

利用统计学方法（如t检验、方差分析等）对基因表达数据进行处理，筛选出具有统计学显著差异的基因作为差异表达基因。



## 基于生物信息学算法的筛选

利用生物信息学算法（如聚类分析、主成分分析等）对基因表达数据进行降维和分类，识别出具有特定表达模式的基因作为差异表达基因。



# 差异表达基因功能注释和通路分析



| Nutrición                        |     |
|----------------------------------|-----|
| Cup/1 taza (180g)                |     |
| <b>245</b>                       |     |
| % Daily Value* / % Valor diario* |     |
|                                  | 14% |
|                                  | 10% |
|                                  | 3%  |
|                                  | 9%  |
|                                  | 12% |
|                                  | 25% |
|                                  | 8%  |
|                                  | 20% |
|                                  | 16% |
|                                  | 15% |
|                                  | 8%  |

| Nutrition Facts                                |       |
|--|-------|
| 6 servings per container/6 raciones por envase |       |
| Serving size/Tamaño de la porción              |       |
| Amount per serving/Cantidad por porción        |       |
| <b>Calories/Calorías</b>                       |       |
| <b>Total Fat/Grasa total</b> 12g               |       |
| Saturated Fat/Grasa Saturada                   |       |
| Trans Fat/Grasa Trans                          | 0g    |
| <b>Cholesterol/Colesterol</b> 8mg              |       |
| <b>Sodium/Sodio</b> 210mg                      |       |
| <b>Total Carbohydrate/Carbohidratos</b>        |       |
| Dietary Fiber/Fibra Dietaria                   |       |
| Total Sugars/Azúcares                          |       |
| Includes 4g Added Sugars                       |       |
| <b>Protein/Proteínas</b> 11g                   |       |
| Vitamin D/Vitamina D                           | 4%    |
| Calcium/Calcio                                 | 210mg |
| Iron/Hierro                                    | 3mg   |
| Potassium/Potasio                              | 38%   |

## 功能注释

对筛选出的差异表达基因进行功能注释，包括基因名称、所属家族、功能描述等信息的查询和整理，为后续分析提供基础数据。

## 通路分析

利用生物信息学数据库和工具（如KEGG、GO等）对差异表达基因进行通路分析，揭示这些基因在哮喘发病过程中的作用机制和调控网络。通过通路分析，可以发现与哮喘相关的关键通路和靶点，为潜在治疗药物的筛选提供线索。





## PART 03

# 生物信息学在差异表达基因研究中的应用





## 数据预处理

对原始基因表达谱数据进行质量控制、标准化和归一化处理，消除批次效应和技术差异。

## 差异表达分析

利用统计学方法或生物信息学算法，比较不同样本或条件下基因表达的差异，筛选出显著差异表达的基因。

## 聚类分析

对差异表达基因进行聚类分析，将具有相似表达模式的基因分组，揭示基因之间的共表达关系和调控网络。



# 蛋白质互作网络构建与分析



## 蛋白质互作数据收集

从公共数据库或文献中收集蛋白质互作数据，构建蛋白质互作网络。

## 网络拓扑性质分析

分析蛋白质互作网络的拓扑性质，如节点度、介数中心等，识别网络中的关键节点和模块。

## 差异表达基因在蛋白质互作网络中的分析

将差异表达基因映射到蛋白质互作网络中，分析其在网络中的位置和作用，揭示差异表达基因与疾病发生发展的关系。



# 疾病相关基因模块挖掘



## 疾病相关基因收集

从疾病数据库或文献中收集与中性粒细胞型哮喘相关的基因。

## 疾病相关基因模块构建

利用生物信息学算法，如WGCNA等，构建疾病相关基因模块，识别与中性粒细胞型哮喘密切相关的基因模块。

## 模块功能注释和药物筛选

对识别出的基因模块进行功能注释，了解其在中性粒细胞型哮喘中的作用。同时，结合药物数据库和计算方法，筛选针对这些模块的潜在治疗药物。

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/428044070030006105>