

عنوان مقاله:

آنالیز بررسی بیان ژن و مسیرهای سیگنالینگ و شبکه های برهمکنش برخی ژن های موثر در بیماران آسم در مطالعات حاصل از مایکروارای با کمک نرم افزار R

محل انتشار:

مجله دانشگاه علوم پزشکی مازندران، دوره 32، شماره 207 (سال: 1401)

تعداد صفحات اصل مقاله: 16

نویسنده:

سعید پیرمرادی - PhD in Biochemistry, Department of Biochemistry, Faculty of Veterinary Medicine, Shahid Chamran - University of Ahvaz, Ahvaz, Iran

خلاصه مقاله:

سابقه و هدف: آسم یک بیماری رایج التهابی مزمن مجاری هوایی است و در اثر ترکیبی از تعاملات پیچیده محیطی و ژنتیکی ایجاد می شود که درک ناقصی از آن ها داریم. این عوامل شدت بیماری آسم و نیز نحوه پاسخ آن به درمان را تحت تاثیر قرار می دهند. بیان متفاوت ژن در بیماران مبتلا به آسم در مقابل گروه شاهد در چندین مطالعه گزارش شده است. مواد و روش ها: مطالعه حاضر در صدد شناسایی لیست مشترکی از ژن های متفاوت بیان شده (DEG) با استفاده از روش های بیوانفورماتیکی بود. سه مطالعه از داده های مایکروارای (microarray)، که معیارهای ورود به سیستم تعریف شده دارند، شناسایی شد. این مطالعات در مجموع ۲۶۸ نمونه را شامل می شدند که در آن ها، ۱۶۷ فرد بیمار و ۱۰۱ فرد دیگر سالم بودند. این مطالعات تجزیه و تحلیل شدند و سپس یک متاآنالیز بر روی آن ها انجام شد. یافته ها: با شناسایی ژن های مشترک در مطالعات مختلف که دچار کاهش و یا افزایش بیان معنادار شده بودند، از آن ها در بررسی مسیرهای بیولوژیکی و مولکولی و سلولی استفاده شد که درکل، مشخص شد این مجموعه از ژن ها می توانند در آسم و برخی مسیرهای موثر در فرایند عملکردی این بیماری نقش داشته باشند. استنتاج: براساس یافته های مطالعه حاضر، می توان با بررسی اهداف اثرگذاری و آنالیز عملکردی ژن های جدید موثر در بیماری آسم و محصولات پروتئینی آن ها و همچنین بررسی نقش درمسیرهای برهمکنشی بیماری آسم، راهکارهای درمانی مناسبی برای مهار عوارض و آسیب های بیماری آسم ارائه کرد.

کلمات کلیدی:

asthma, gene expression, R software, gene interaction network, آسم, بیان ژن, نرم افزار R,

شبکه برهمکنش ژنی

لینک ثابت مقاله در پایگاه سیویلیکا:

<https://civilica.com/doc/1784990>

