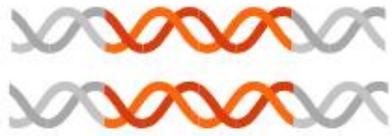


II 型糖尿病骨骼肌衰老调控网络解析 与健康寿命延长策略

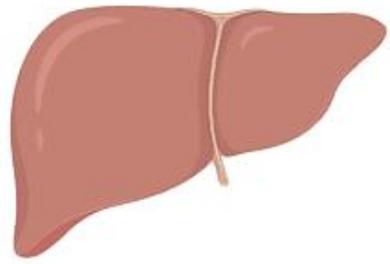
汇报人： G02B许瑞晨 **小组成员：** G02A 罗浩华 G02C 胡娇 G02D 张千里

2025.6.11

II 型糖尿病



I 型糖尿病

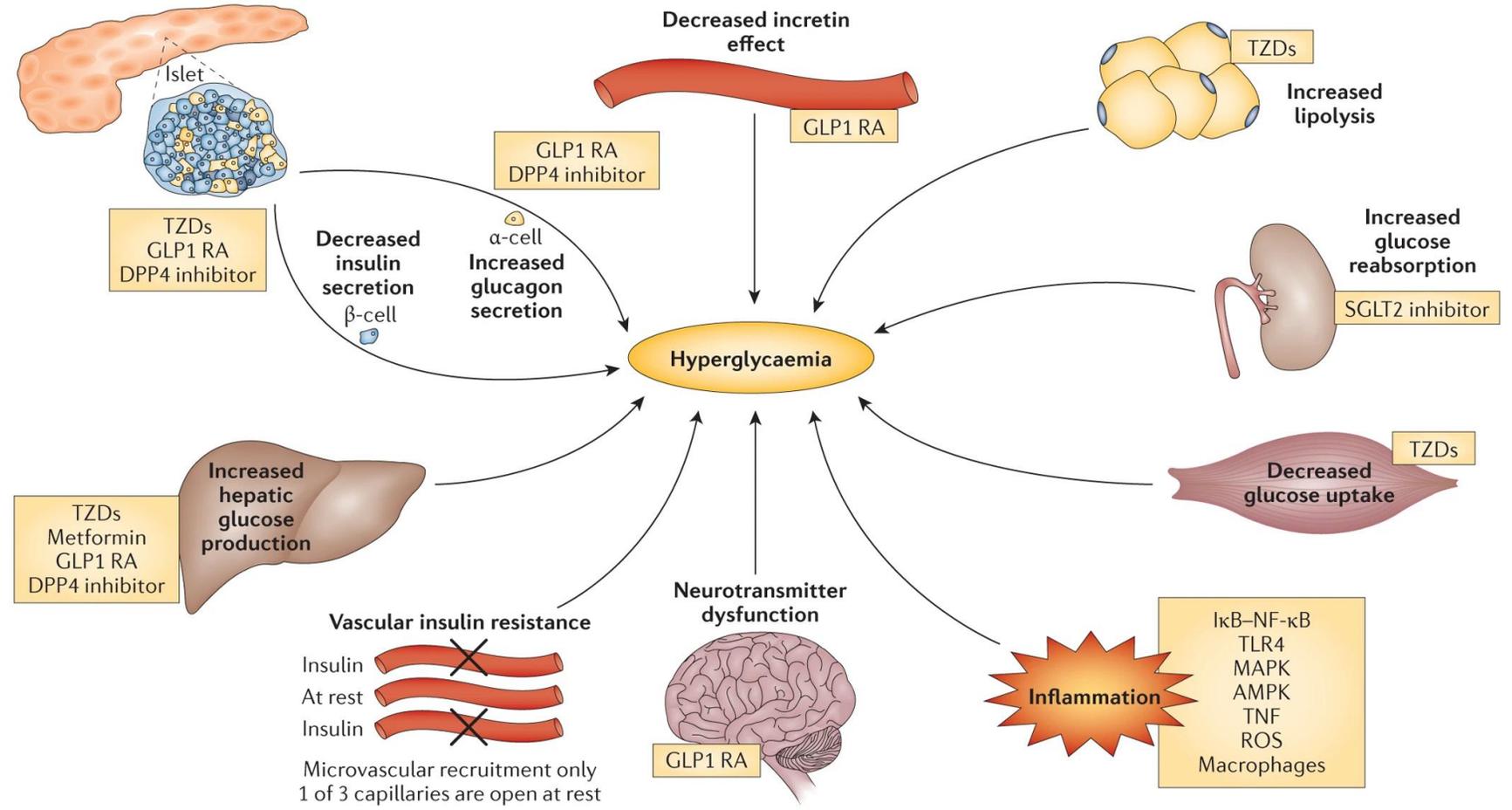


II 型糖尿病

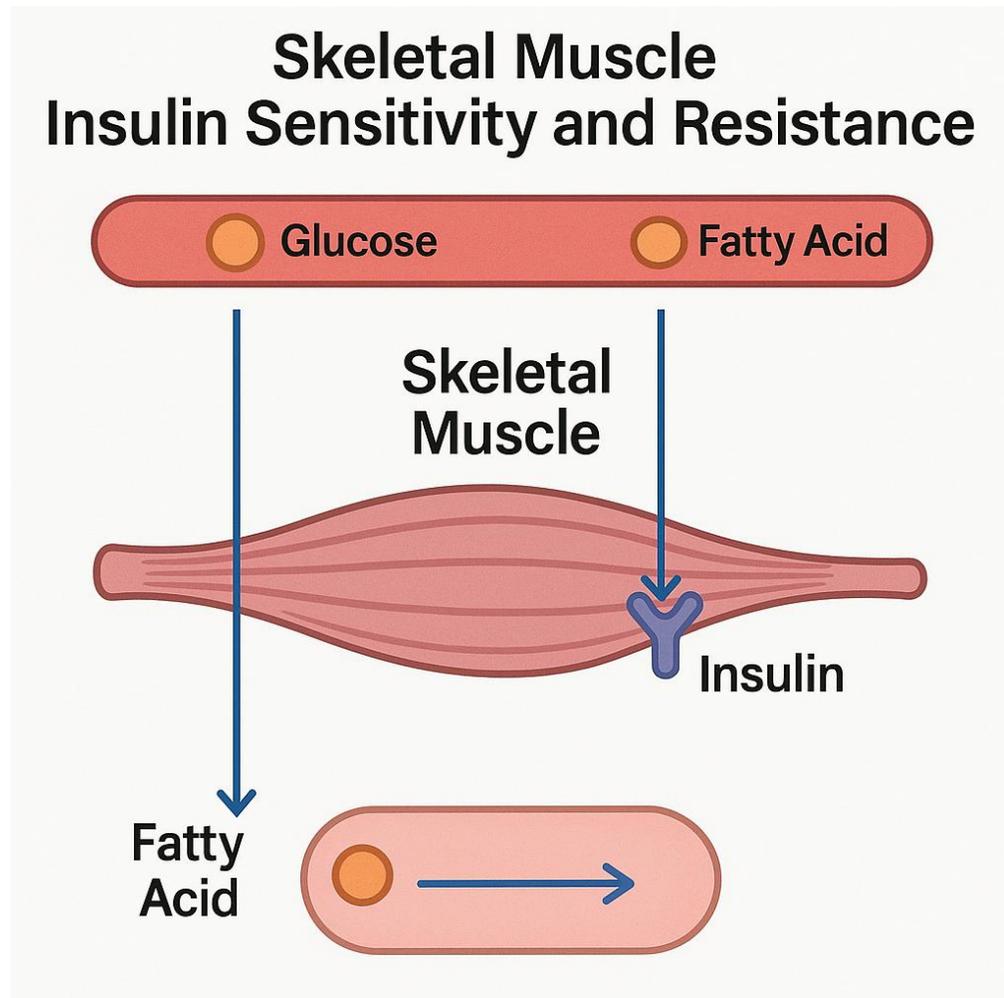


妊娠糖尿病

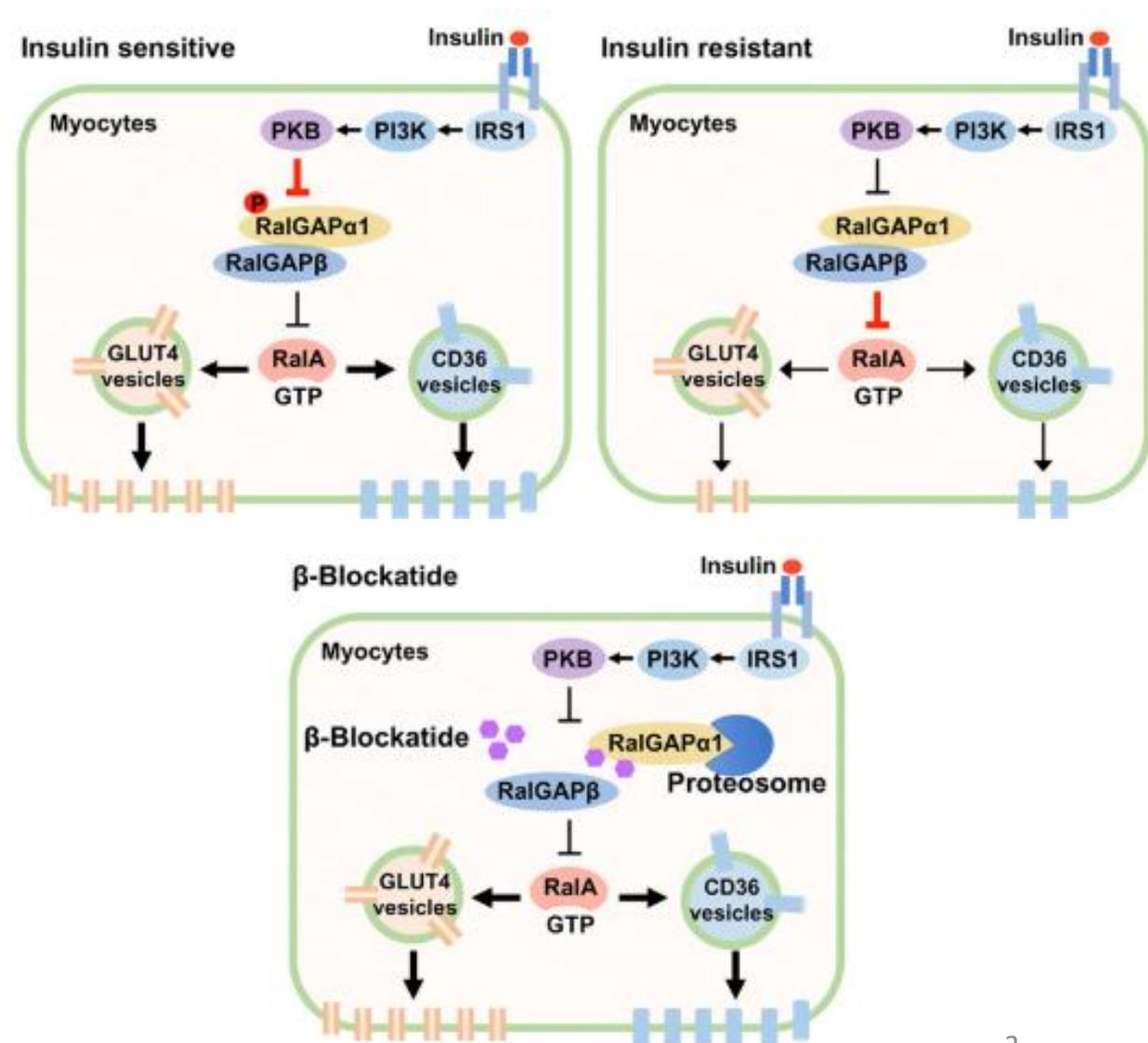
The 'ominous octet' of hyperglycaemia in T2DM



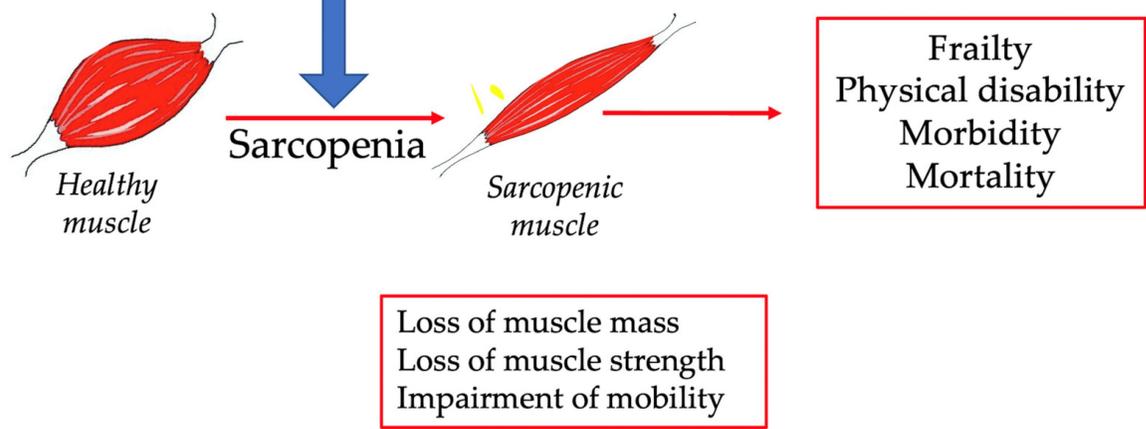
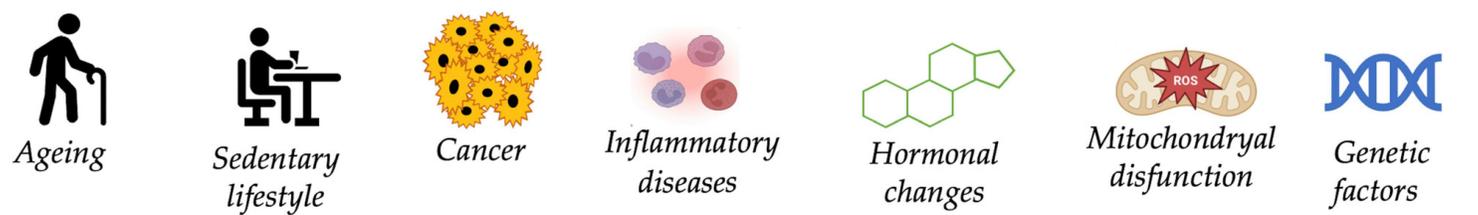
骨骼肌的胰岛素信号通路



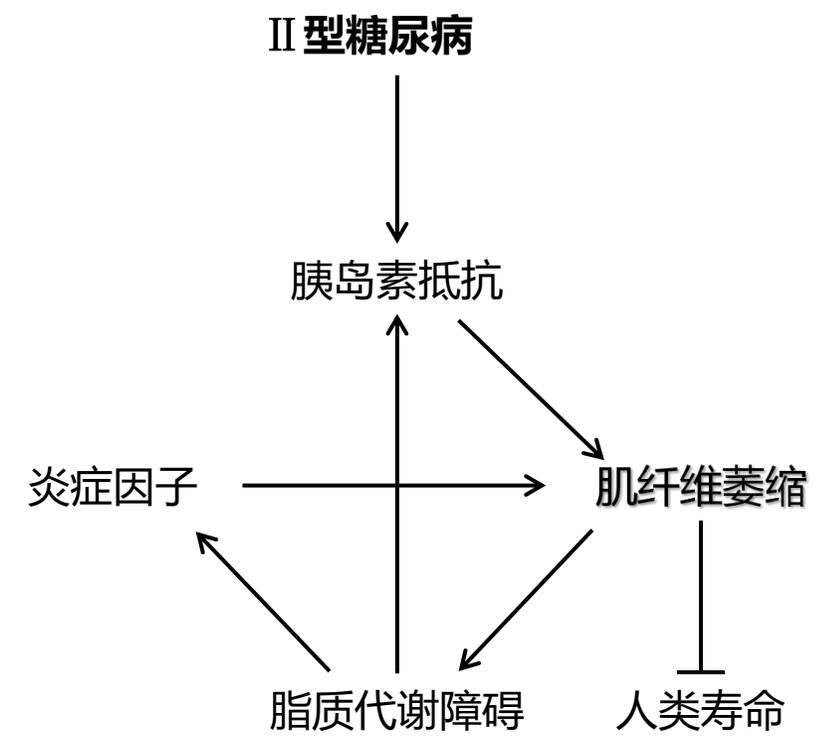
A working model for the RalGAP α 1/ β complex



II 型糖尿病与骨骼肌衰老

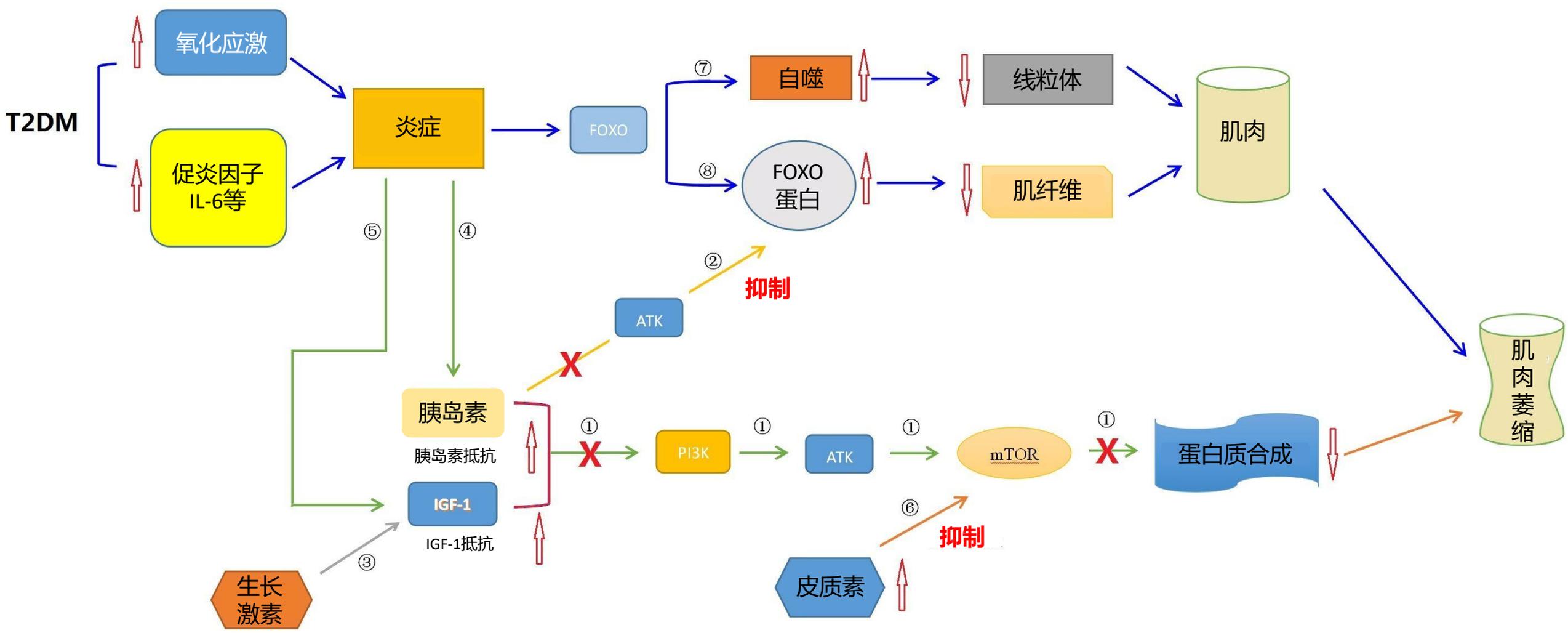


肌少症会对人体健康的影响

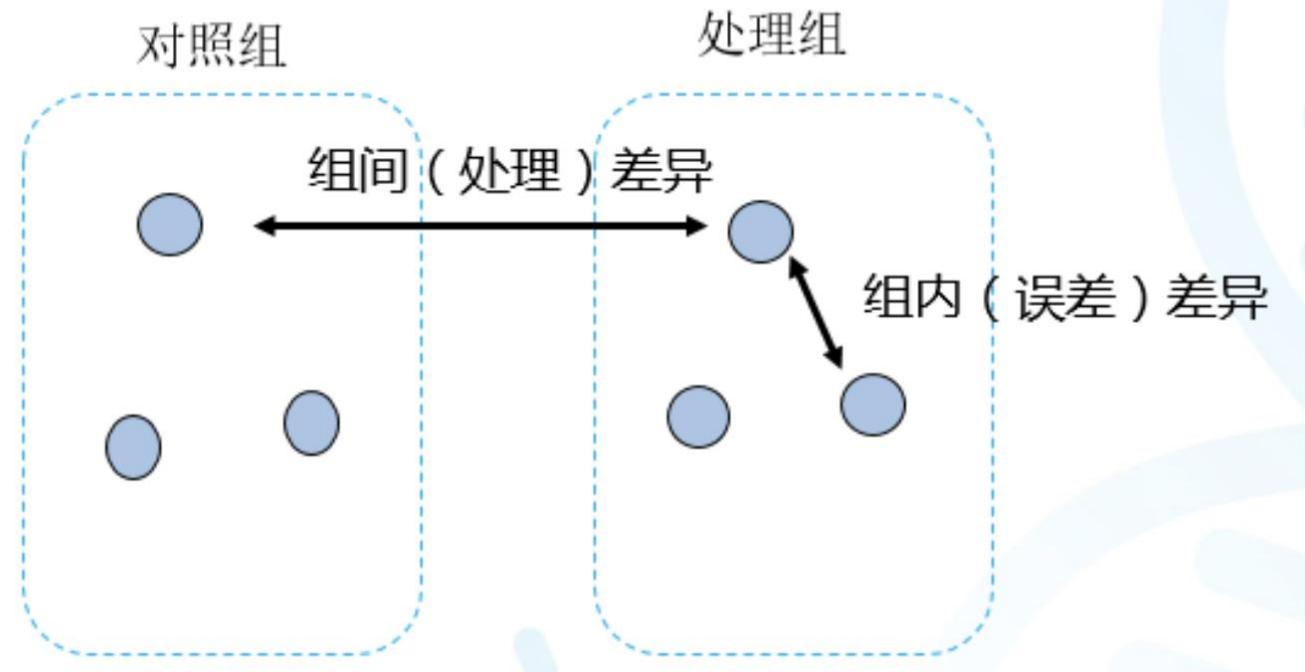


II 型糖尿病常见并发症

II型糖尿病相关肌萎缩的可能内分泌机制



1. 差异表达分析



- 原理：判断组间（处理）差异是否显著大于组内（误差）差异；
- 一般认为，表达差异倍数大于2、 $FDR \leq 0.05$ 为显著差异的基因；
- 基于RNA-Seq数据：edgeR、DESeq；
- 基因芯片数据：LIMMA。

2.蛋白质-蛋白质相互作用(PPI)分析

获取实验数据

- 酵母双杂交系统
- 亲和纯化与质谱联用 (AP-MS)
- 免疫共沉淀
- 生信分析预测：序列相似性方法、基因邻近性方法、文本挖掘方法。

数据分析

- 网络拓扑结构分析
 - 1 节点 (蛋白质) 的度 (degree) 分析
 - 2 网络的中心性分析
 - 3 网络的聚类系数
- 功能模块分析
 - 1 基于网络聚类的模块分析
 - 2 模块的功能注释
- 动态分析
 - 1 时间序列分析
 - 2 环境条件变化分析

3. 基因功能富集分析

基因功能富集分析的核心原理是基于基因注释信息，判断基因集在特定生物学功能上的聚集是否显著高于随机分布。

GO数据库

- DAVID工具
- ClusterProfiler R包

KEGG数据库

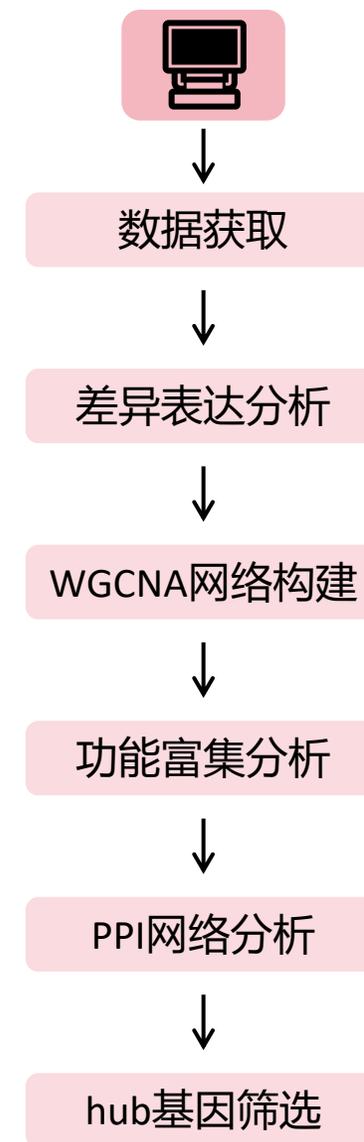
- KEGG Mapper
- GSEA(Gene Set Enrichment Analysis)

- **构建调控网络模型**

构建骨骼肌线粒体功能失调-肌肉萎缩相关的基因共表达和调控网络模型

- **鉴定关键调控节点**

识别与肌萎缩表型高度相关的基因模块，筛选hub基因/蛋白作为潜在干预靶点





Gene Expression Omnibus

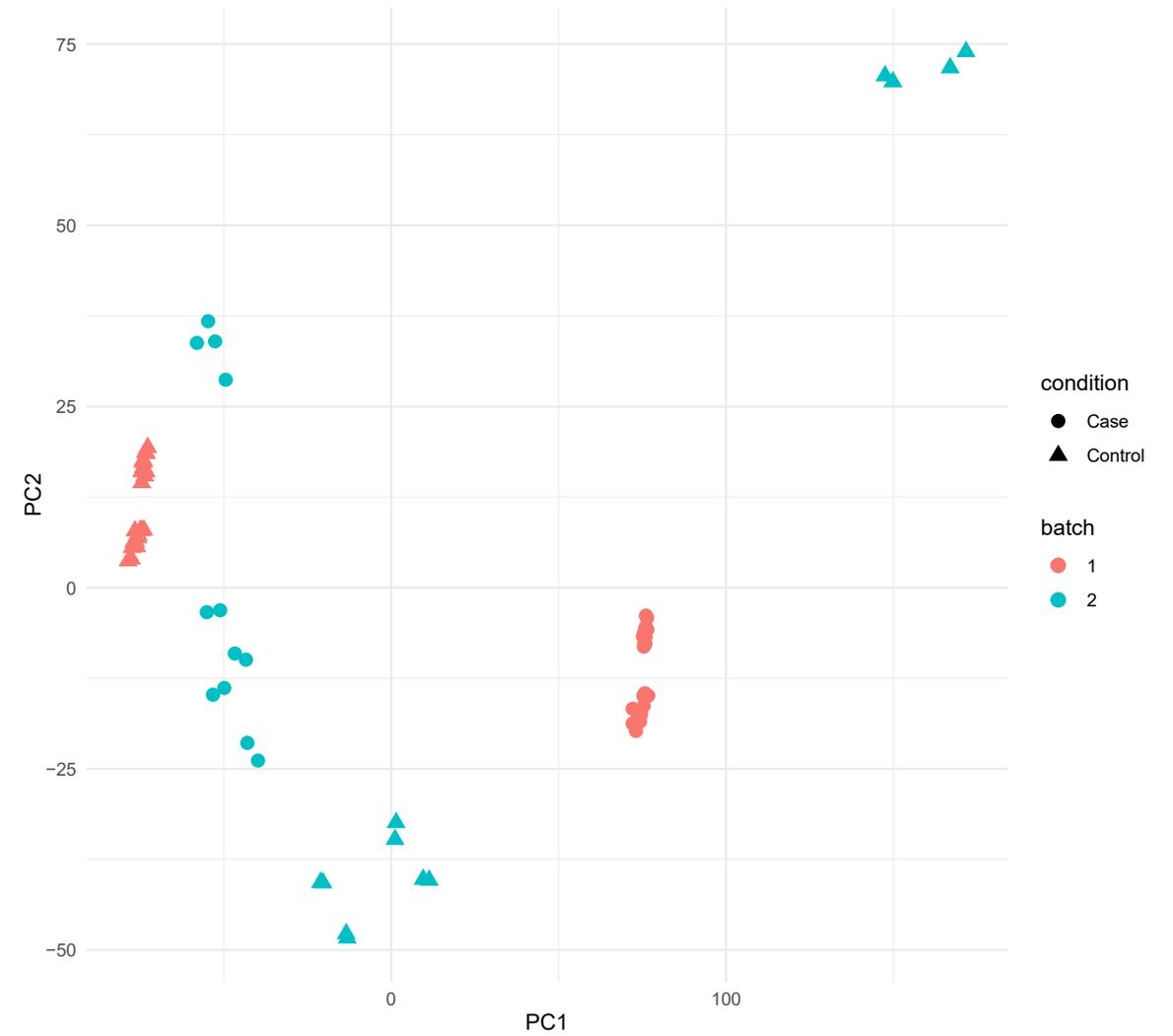
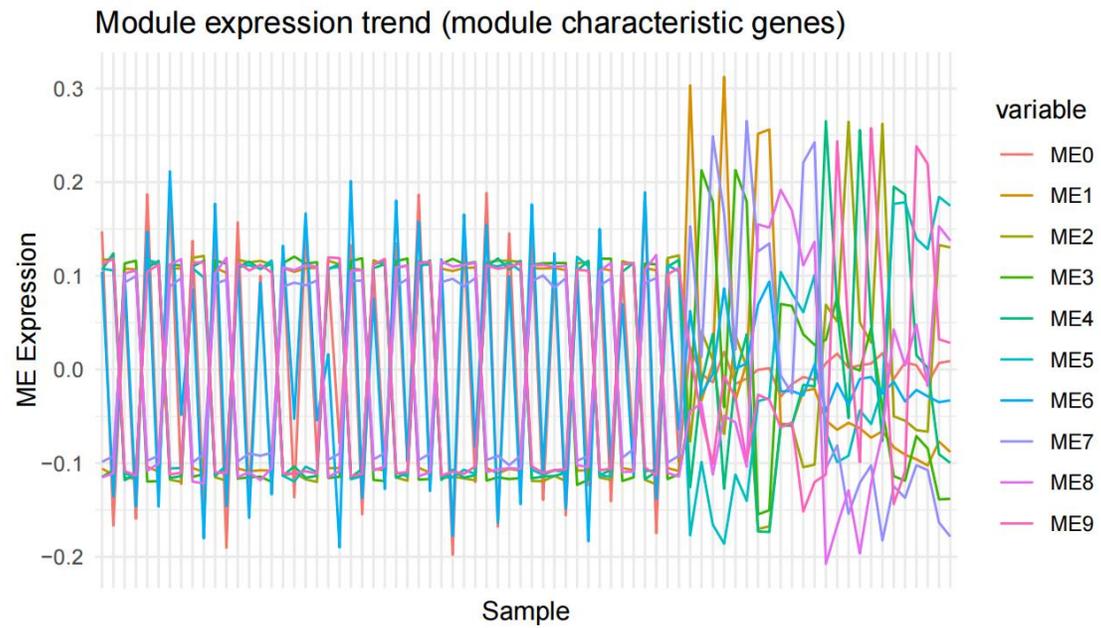
Gene Expression Omnibus

GEO is a public functional genomics data repository supporting MIAME-compliant data submissions. Array- and sequence-based data are accepted. Tools are provided to help users query and download experiments and curated gene expression profiles.

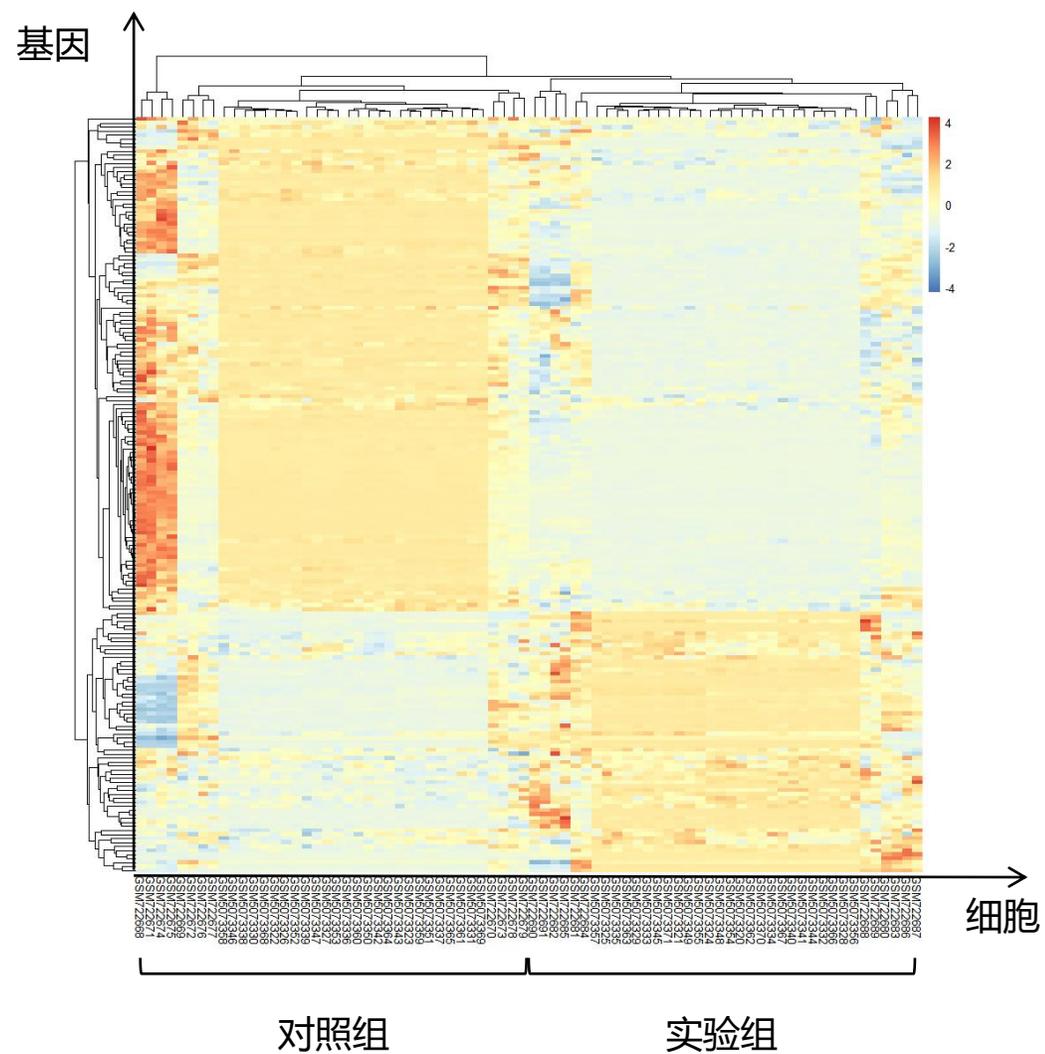
| 转录组数据集 | 健康骨骼肌对照组 | T2DM骨骼肌实验组 |
|-----------|--------------------|----------------------|
| GSE166502 | 来自 26 名健康对照者的骨骼肌样本 | 26 名 II 型糖尿病患者的骨骼肌样本 |
| GSE29221 | 来自 12 名健康对照者的骨骼肌样本 | 12 名 II 型糖尿病患者的骨骼肌样本 |

```
> cat("合并表达矩阵维度: ", dim(combined_expr), "\n")  
合并表达矩阵维度: 10475 76
```

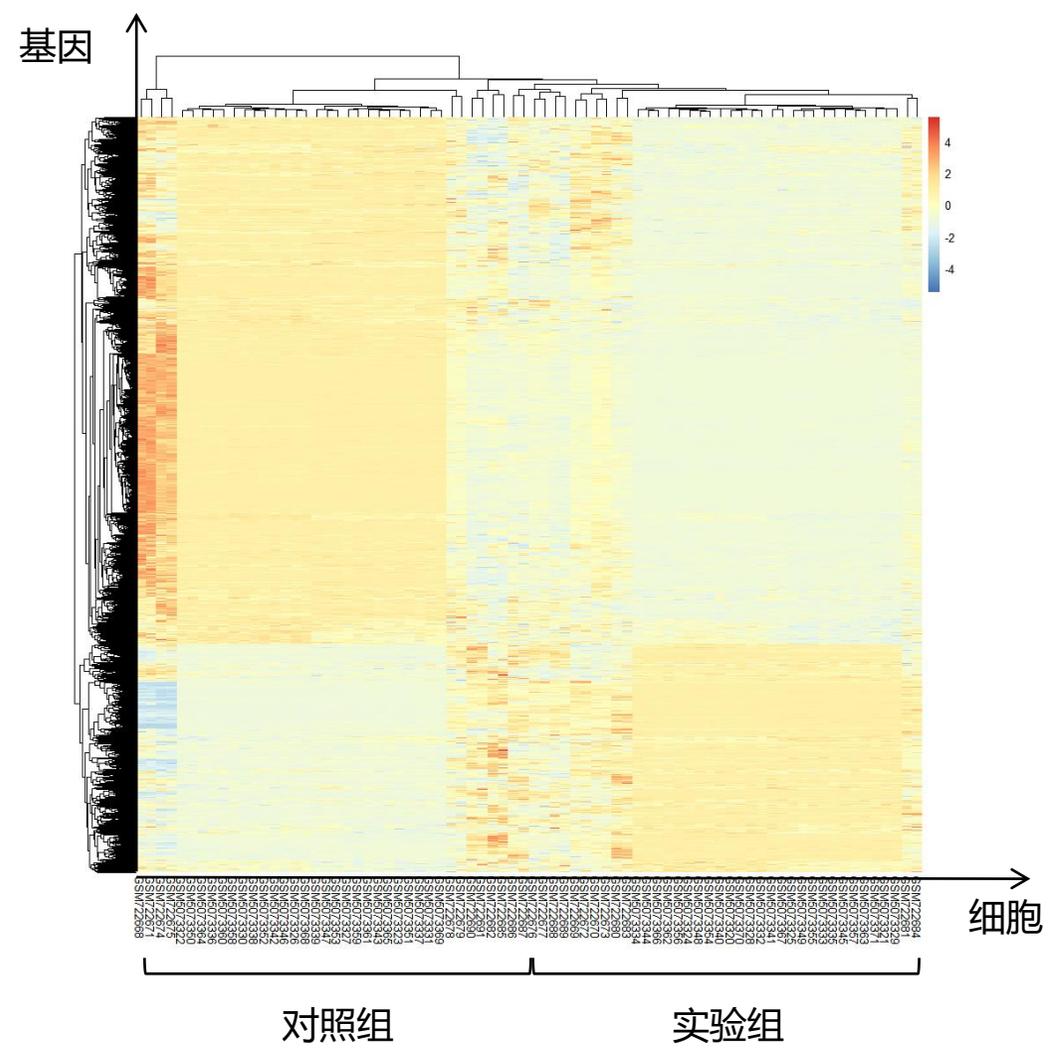
初步计算结果展示——批次效应



初步计算结果展示——差异表达分析

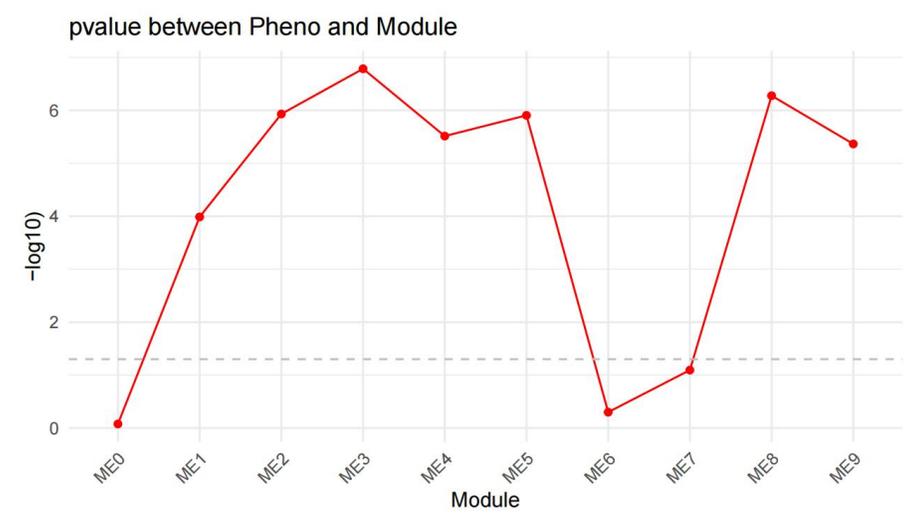
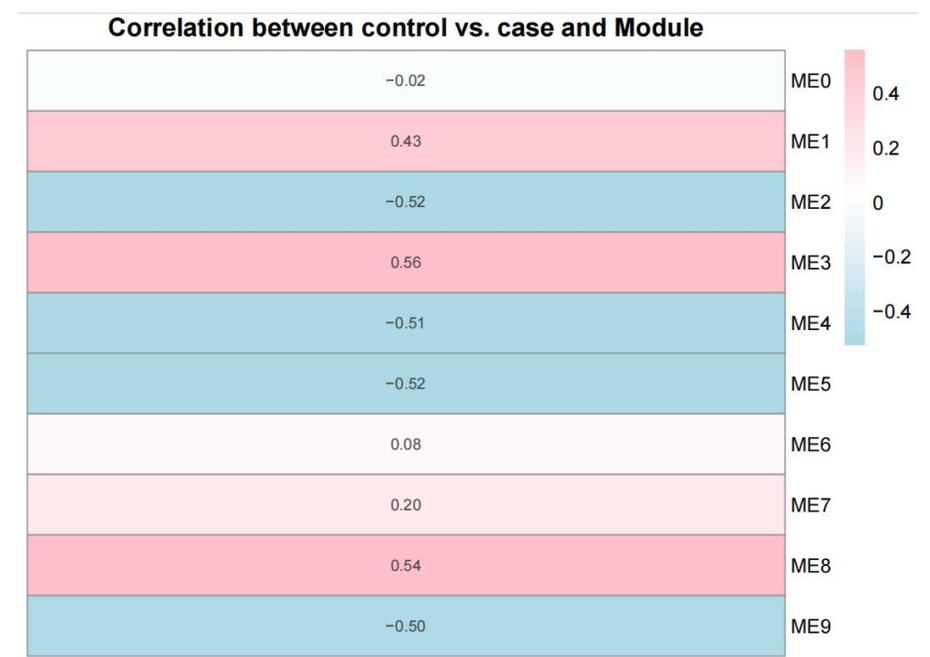
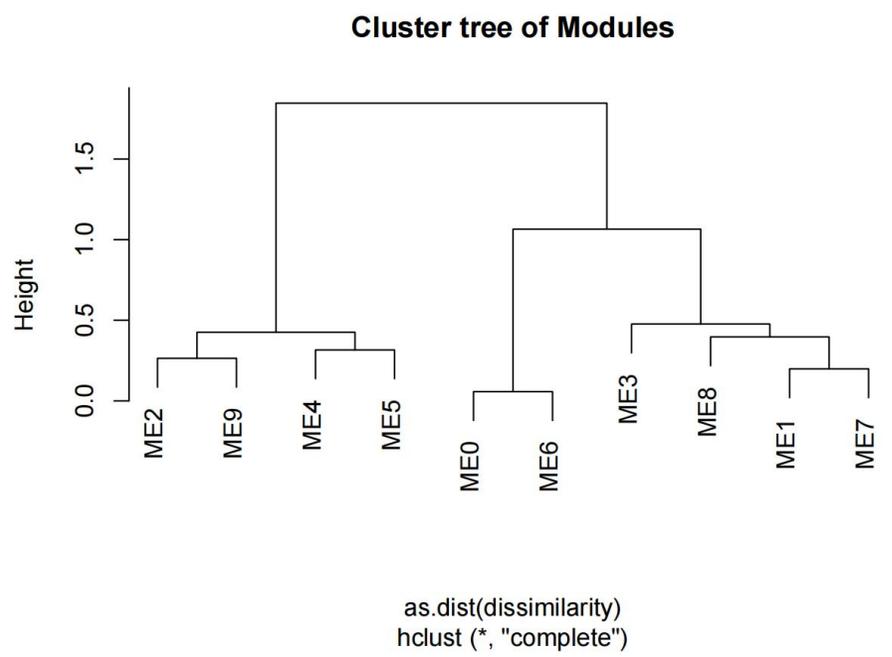


TF差异表达基因热图

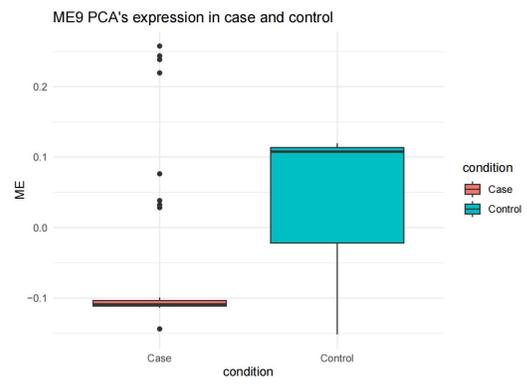
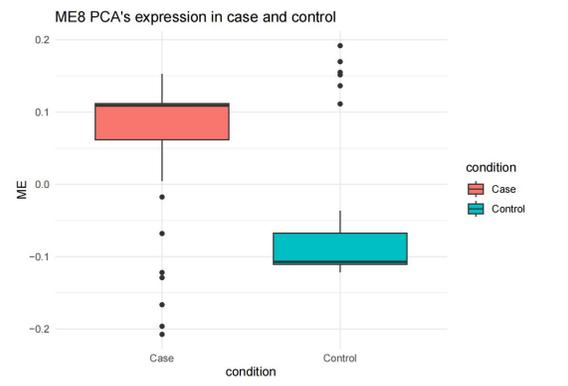
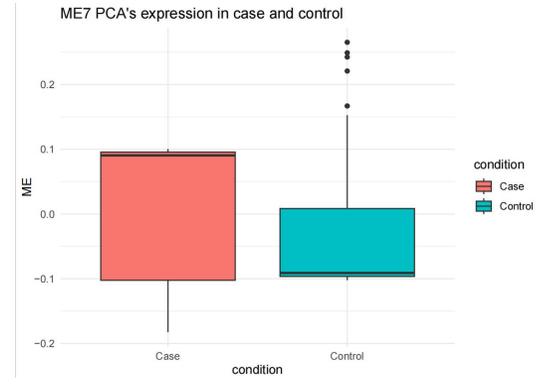
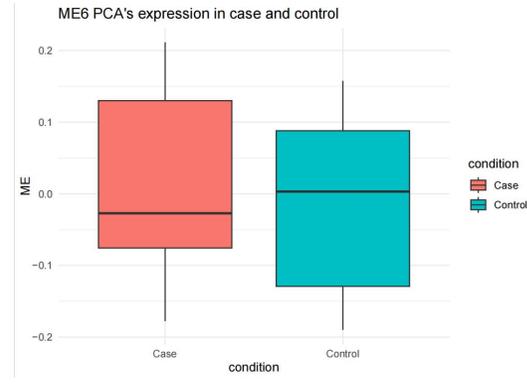
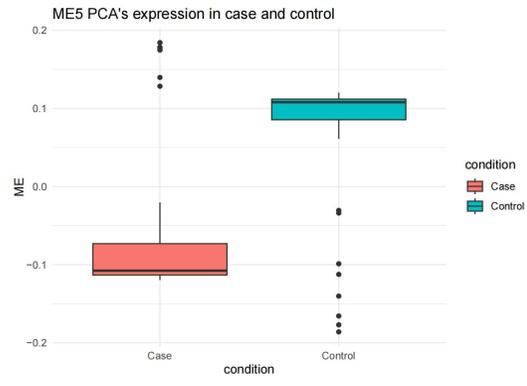
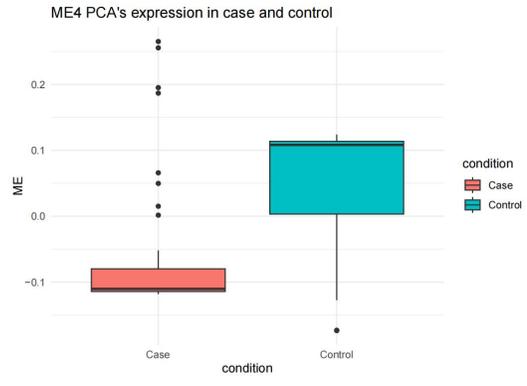
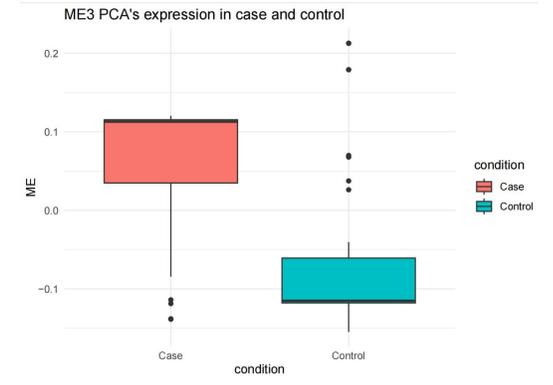
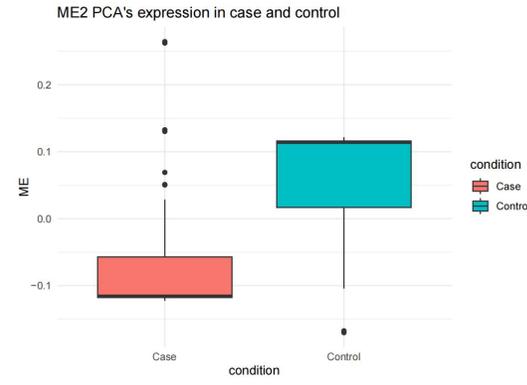
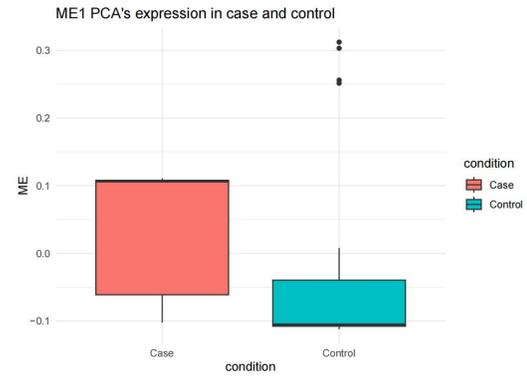
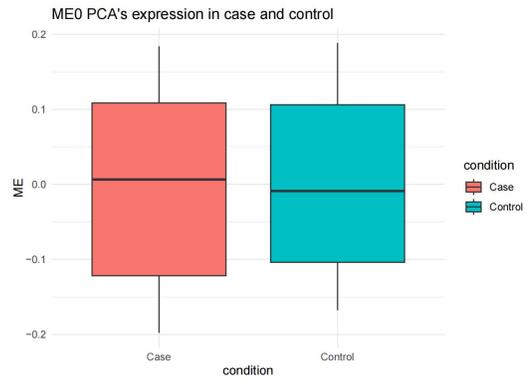


非TF差异表达基因热图

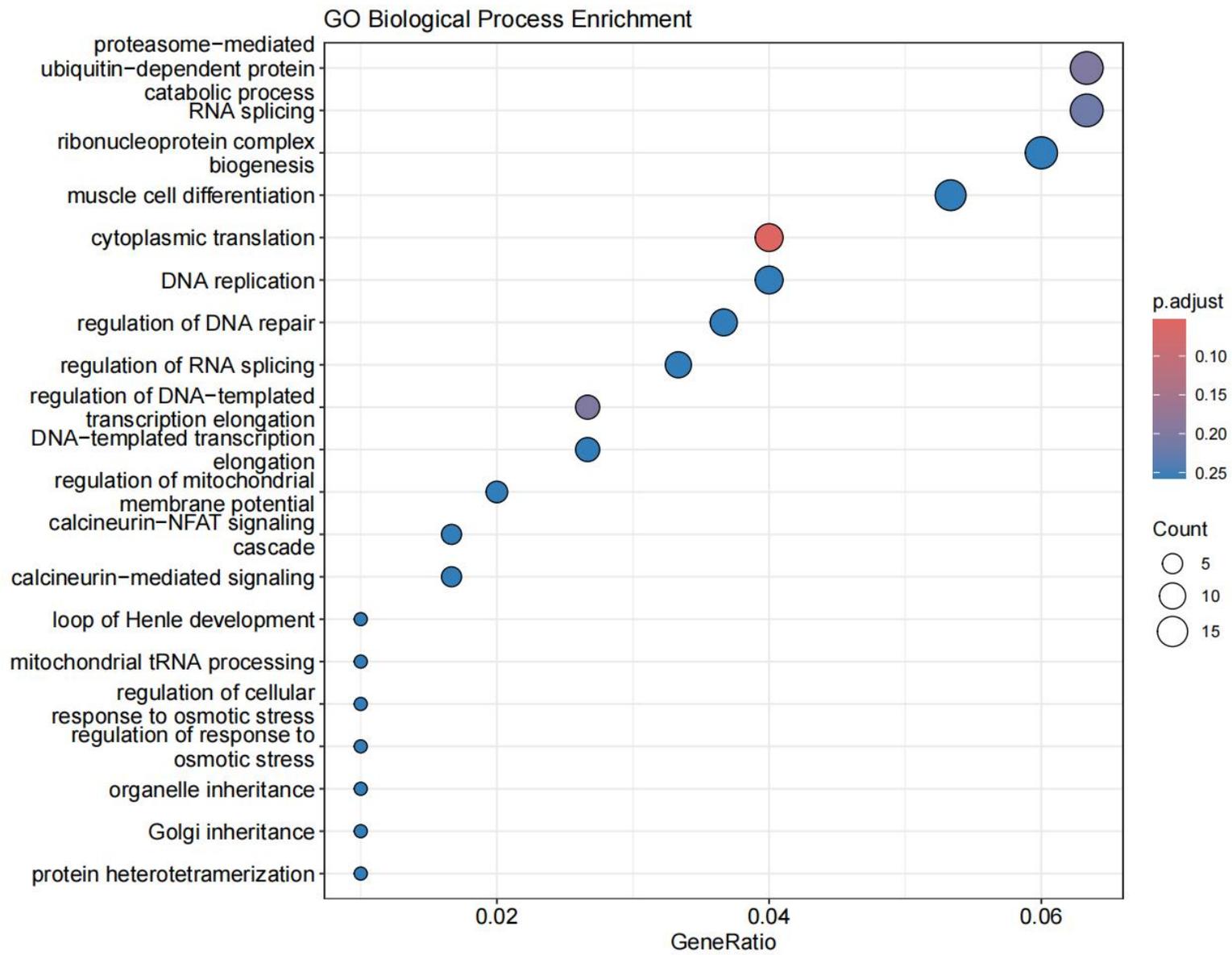
初步计算结果展示——差异基因共表达分析



初步计算结果展示——差异基因共表达分析



初步计算结果展示——GO富集分析



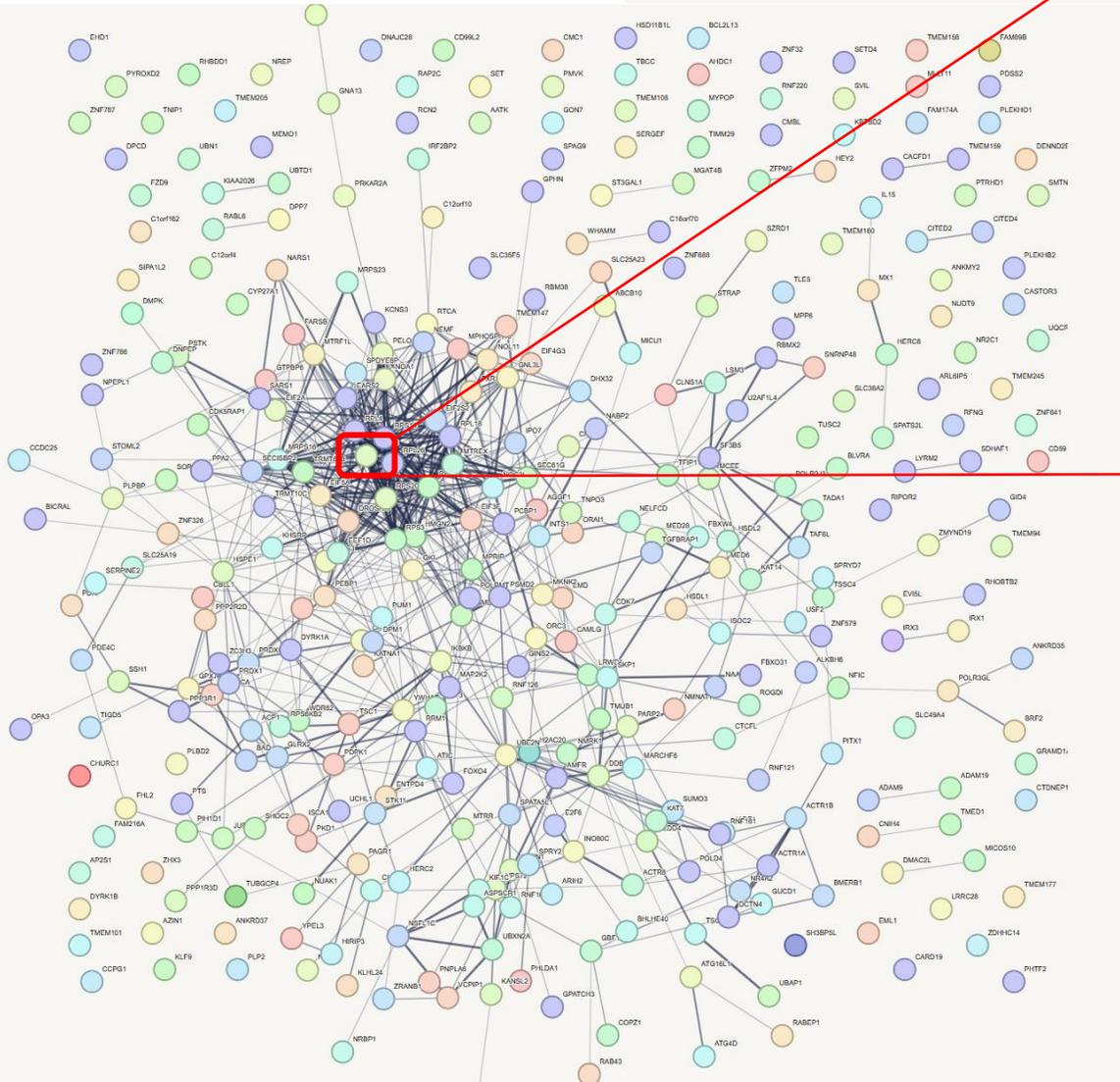
初步计算结果展示——蛋白质-蛋白质相互作用(PPI)分析



keyGenes

chr [1:363]

Edge Confidence



RPS16

信息
核糖体蛋白 S16。
标识符: ENSP00000367806, RPS16
生物体: 智人
e! 3 4 RefSeq UniProt

操作

- 将网络重新置于该节点的中心
- 从输入节点中移除该节点
- 显示蛋白质序列
- STRING 生物之间的同源物

途径、功能、资源 (GeneCards)

启用节点着色模式

在分析表中显示此节点的术语

AlphaFold model (P62249)
identity: 94.3%

RPS16 基因 - 核糖体蛋白 S16

蛋白质编码 (更新日期: 2025 年 3 月 30 日; GC19M039433; 礼物: 52)

在基因中搜索

关注基因

| 跳至章节 | 别名 | 疾病 | 域 | 药物 | 表达 | 功能 | 基因组学 | 本土化 | 直系同源物 |
|------|-------|----|-----|-------|--------|-------|------|------|-------|
| | 旁系同源物 | 途径 | 产品 | 蛋白质 | 出版物 | 来源 | 摘要 | 成绩单 | 变体 |
| 研究产品 | 抗体 | 检测 | 蛋白质 | 抑制RNA | CRISPR | miRNA | 药物 | 动物模型 | 细胞系 |
| | 克隆 | 引物 | | | | | | | |

- **G02A 罗浩华**
 - 负责数据处理与代码优化，绘制关键图表
- **G02B 许瑞晨**
 - 整体课题设计、数据收集初步分析
- **G02C 胡娇**
 - 生信方法原理调研与技术支持
- **G02D 张千里**
 - 背景文献综述与资源整合，提供理论支撑

感谢聆听

2025.6.11

使用的函数及用途

| 包/函数 | 用途 |
|---------------------------------|-----------|
| getGEO() | 下载GEO数据 |
| exprs() | 提取表达矩阵 |
| ComBat() | 校正批次效应 |
| lmFit() + eBayes() + topTable() | 差异表达分析 |
| pheatmap() | 热图 |
| ggplot() + geom_point() | 火山图 |
| blockwiseModules() | 构建WGCNA模块 |
| cor() | GS和MM计算 |
| enrichGO() / enrichKEGG() | 富集分析 |
| dotplot() | 富集结果展示 |