# 会议记录

## 1 MHC

by 丁阳，目前主要有3个层次的结果

1. SNP检测：多样性大幅度下降，
2. allele 等位基因的频率改变
3. 氨基酸改变：只有3个，并且目前标记的氨基酸都是同义突变？并且和SNP的结果没法很好的对应上

DQB1可能是一个重要的基因，但是需要注意DPA1等位基因的问题，可能是连锁不平衡但也不排除是两个基因同时对SLE\_PAH产生作用。

目前只算了*DQB1\*03:01和DQB1\*05:01*的结果。目前有报道指出*DQB1\*03:01*与SLE相关（只在SLE狼疮、欧洲裔中发现，但在中国血统中没有发现）; *DQB1\*05:01*与台湾和泰国人相关

想找的是与和肺动脉高压中相关的HLA等位基因，需要SLE\_PAH与LN和健康对照相比都有显著变化。目前有一个等位基因满足要求

但是如果几个HLA等位基因在LN中不连锁在SLE\_PAH中连锁，如何解释。（可能与遗传有关？）

看了钱博的*SLE\_PAH与LN与HD的HLA对比数据，发现****DPA\*01:11****目前发现只在SLE\_PAH*,中存在，虽然173例患者中只有5个有，但是1000多例LN和3000多正常对照中一个都没有发现有这个等位基因。可能提示这个基因有重要作用，但是解释的比例比较低。

下一步：

* SNP-pathway
* 病人表型（需要钱博提供病人表型的数据）

## 2 单细胞转录组

每个细胞中测到的基因少可能是某一步骤重大失误。中性粒细胞的理由不靠谱

每个数据的小测的必要性在哪

钱博：再去和贝瑞argue下。样本损失无法弥补。经济损失也比较难受。如果一直不能稳定的得到结果，可能会考虑更换测序公司

## 3 其他

暂无