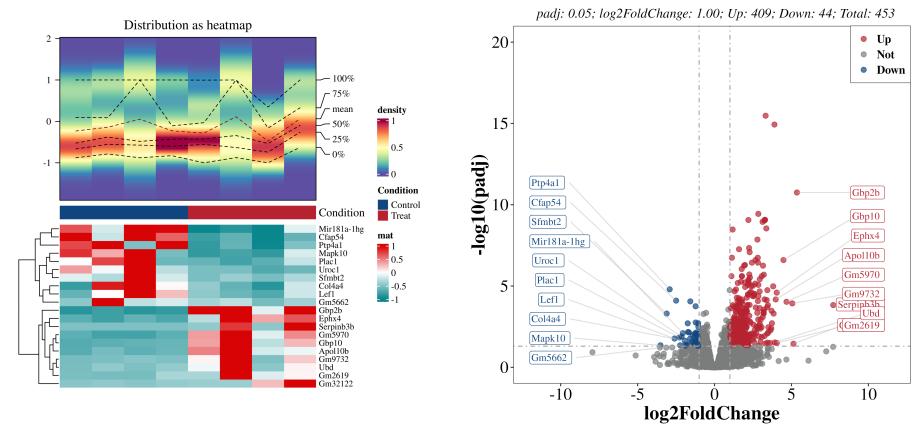
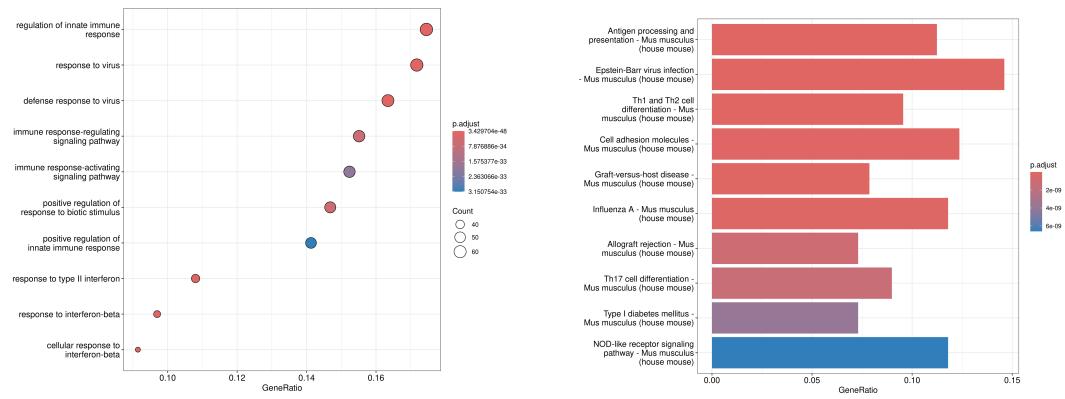
Treat vs Control



为了了解实验组和对照样本间的差异基因,在数据集中使用使用"DESeq2"包分析实验和对照样本间的差异基因DEGs,筛选阈值为P value < 0.05 & |log2FC|> 0.5,并使用R包"ggplot2"绘制差异火山图对DEGs结果可视化。通过以上阈值共筛选得到453个差异表达基因,其中包括上调基因409个,下调基因44个。根据差异倍数log2FC排序前10上调基因和前10下调基因,同时通过R包"ComplexHeatmap"对差异基因进行表达热图展示。



为了了解DEGs所参与的通路和涉及生物学功能,使用"clusterProfiler"包,在org.Mm.eg.db包背景基因集中,对DEGs进行基因本体(GO)【GO分析包括细胞成分(cellular components,CC)、生物过程(biological processes,BP)和分子功能(molecular functions,MF)】和京都基因和基因百科全书(KEGG)通路富集分析,使用R包"ggplot2"将结果可视化(GO展示TOP10通路,KEGG展示TOP10通路,p.value < 0.05的被认为具有统计学意义。GO主要富集到regulation of innate immune response, response to virus等生物学过程,KEGG主要富集到Antigen processing and presentation, Epstein Barr virus infection 等通路。