



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。