

课题名称：复杂疾病个体特异性因果网络构建及临界点预测

课题性质：基础研究

课题来源：自拟课题

课题简介：

复杂疾病（如癌症、神经退行性疾病和心血管疾病）的发生和发展往往伴随多尺度的生物学动态变化，呈现出高度的异质性和非线性演进特征。探索个体特异性的分子因果网络，识别关键动态生物标志物，并预测疾病恶化的临界点，是揭示疾病机制和实现精准医学的关键。然而，目前对于复杂疾病的研究多集中于群体水平，缺乏对个体特异性动态网络及其关键节点的系统解析。

本研究基于单细胞组学数据，构建复杂疾病的个体特异性因果网络，并预测疾病恶化的临界点。首先，通过整合单细胞转录组学（scRNA-seq）、单细胞空间转录组学（Spatial Transcriptomics）等多组学数据，结合蛋白质-蛋白质相互作用（PPI）网络，利用统计因果推断技术构建样本特异性的因果网络。在此基础上，分析网络中基因表达的波动性和因果关系的变化，标识在临界点附近表现出显著波动的分子群。进一步，利用非线性动力学模型（统计熵模型）和时序分析方法，捕捉疾病状态从稳定到恶化的转变临界点，并通过生物标志物筛选验证预测的临界点分子。最后，提取因果网络中与临界点关联的高熵分子，并结合功能注释识别关键分子。

本研究重点聚焦于复杂疾病的动态特征和个体化差异，将单细胞组学数据与因果网络建模相结合，为精准疾病诊断、个体化治疗方案设计提供理论基础和技术支持。

毕业设计要求：

1. 了解复杂疾病动态演进有关生物学基本理论；
2. 了解单细胞组学方法以及在复杂疾病动态演进中的应用；
3. 运用 R、Python 进行模拟分析以及单细胞组学数据分析；
4. 完成毕业论文并以 PPT 形式展示相关结果。

毕业设计进度计划：

1. 2025.01-2025.02 学习相关背景知识并进行模拟研究
2. 2025.02-2025.03 对复杂疾病进行相关分析，并合理展示结果
3. 2025.03-2025.05 汇总研究结果，撰写毕业论文初稿
4. 2025.05-2025.06 修改毕业论文，并准备答辩