

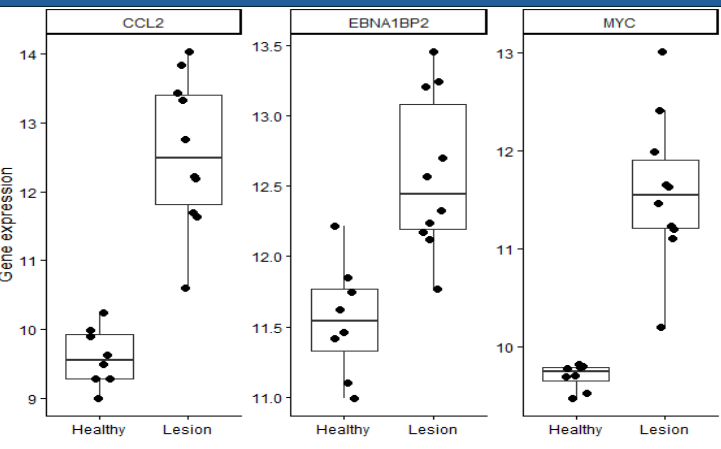
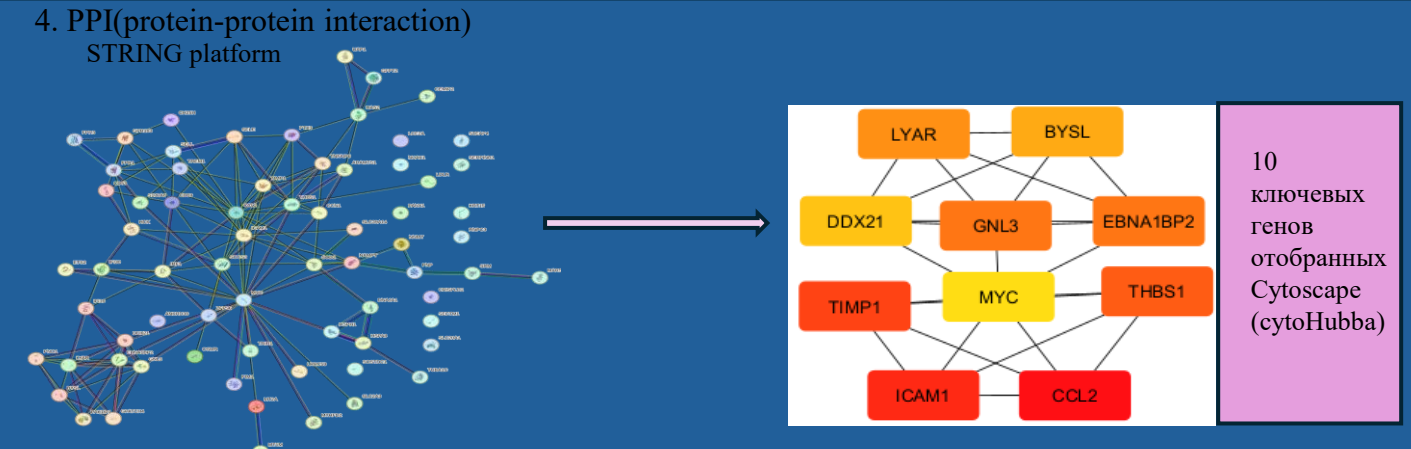
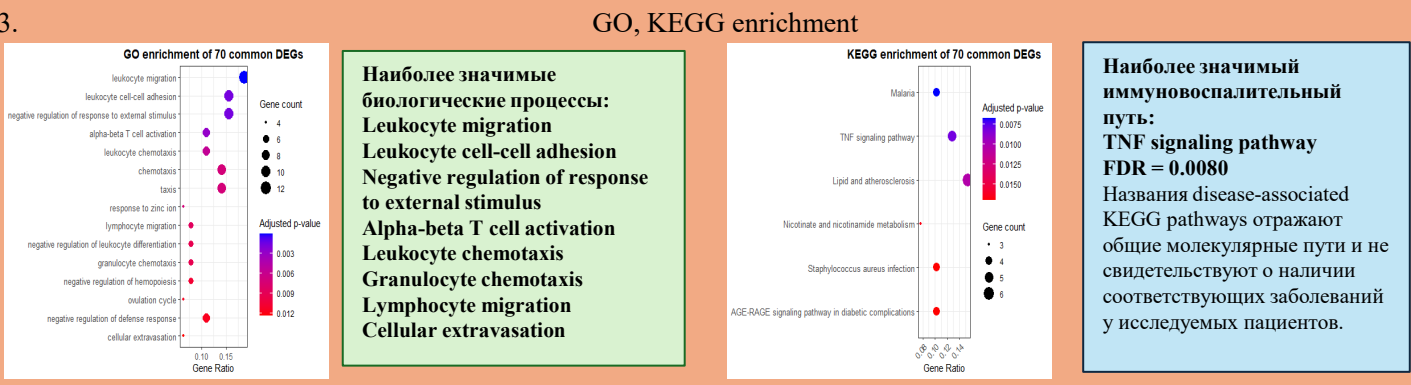
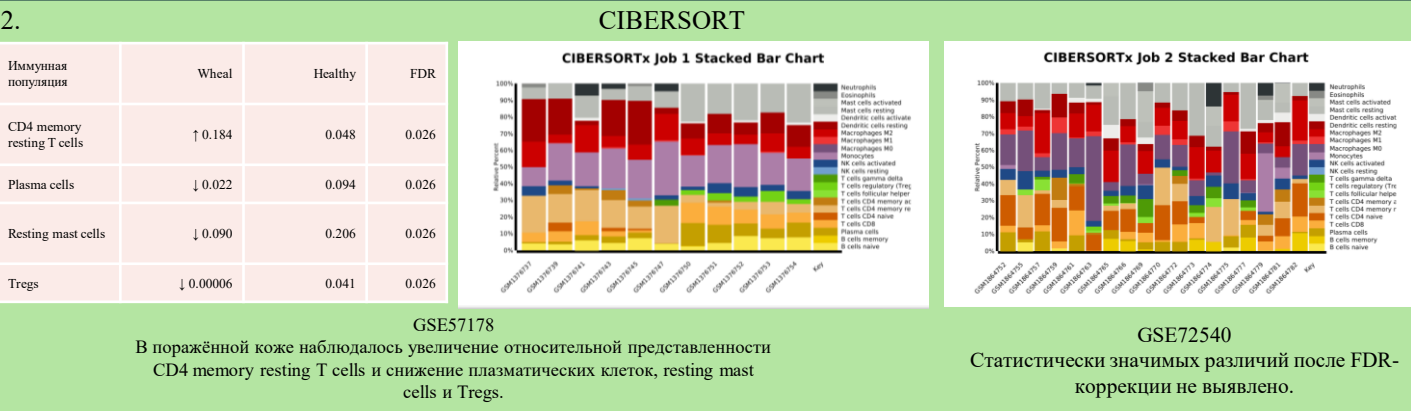
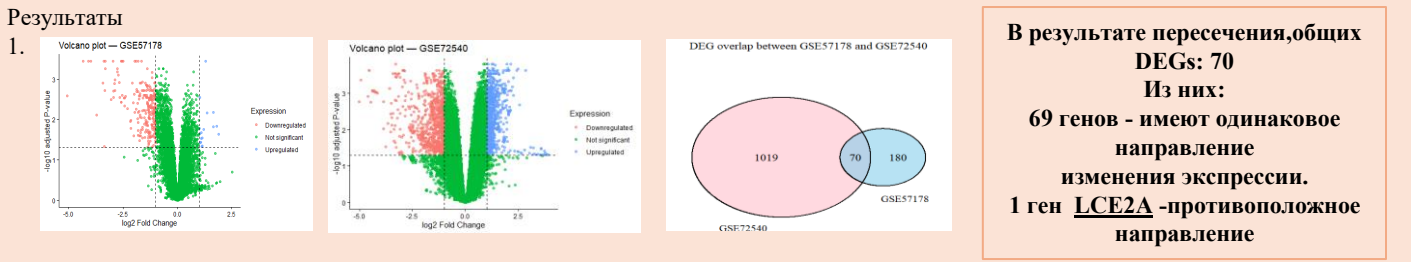


Идентификация потенциальных биомаркеров хронической спонтанной крапивницы на основе биоинформационного анализа и машинного обучения
Ермеккызы Ажар, студентка 5 курса Школы Педиатрии, НАО «КазНМУ им. С.Д. Асфендиярова»
Руководитель: Нурмуханбетова А.А., ассоциированный профессор кафедры общей иммунологии им.А.А.Шортанбаева

Актуальность:
Хроническая спонтанная крапивница (ХСК) — воспалительное заболевание кожи с рецидивирующей крапивницей и/или ангионевротическим отёком более 6 недель без очевидного триггера. Молекулярные механизмы ХСК изучены недостаточно; их исследование может помочь выявить ключевые гены, иммунные особенности и потенциальные биомаркеры заболевания.

Цель:
идентифицировать потенциальные биомаркеры хронической спонтанной крапивницы на основе анализа двух независимых наборов транскриптомных данных одного заболевания с использованием биоинформатических методов и машинного обучения.

Материалы и методы
Базы транскриптомных данных GEO. GSE57178 (Affymetrix HuGene 1.0 ST) + GSE72540 (Agilent SurePrint G3 Human GE) → Отбор образцов. GSE57178: 6 wheal + 5 healthy; GSE72540: 10 wheal + 8 healthy → Дифференциальный анализ экспрессии генов limma; $|\log_2FC| > 1$; adj. $p < 0,05$ → Выявление общих DEGs и оценка совпадения направления экспрессии → Анализ иммунной инфильтрации. CIBERSORT + LM22; оценка состава иммунных клеток → Функциональный анализ. GO и KEGG enrichment analysis → PPI-анализ и выявление hub genes. STRING → Cytoscape → cytoHubba → 10 ключевых генов → Машинное обучение и диагностическая оценка LASSO-регрессии → отбор генов-кандидатов → ROC-анализ



5. Экспрессия генов – кандидатов отобранных LASSO-регрессией

Заключение
Интегрированный биоинформатический анализ выявил потенциальные молекулярные маркеры хронической спонтанной крапивницы, среди которых **CCL2** продемонстрировал наиболее высокую воспроизводимость и диагностический потенциал.