

精神疾病診斷與基因之網絡關聯分析

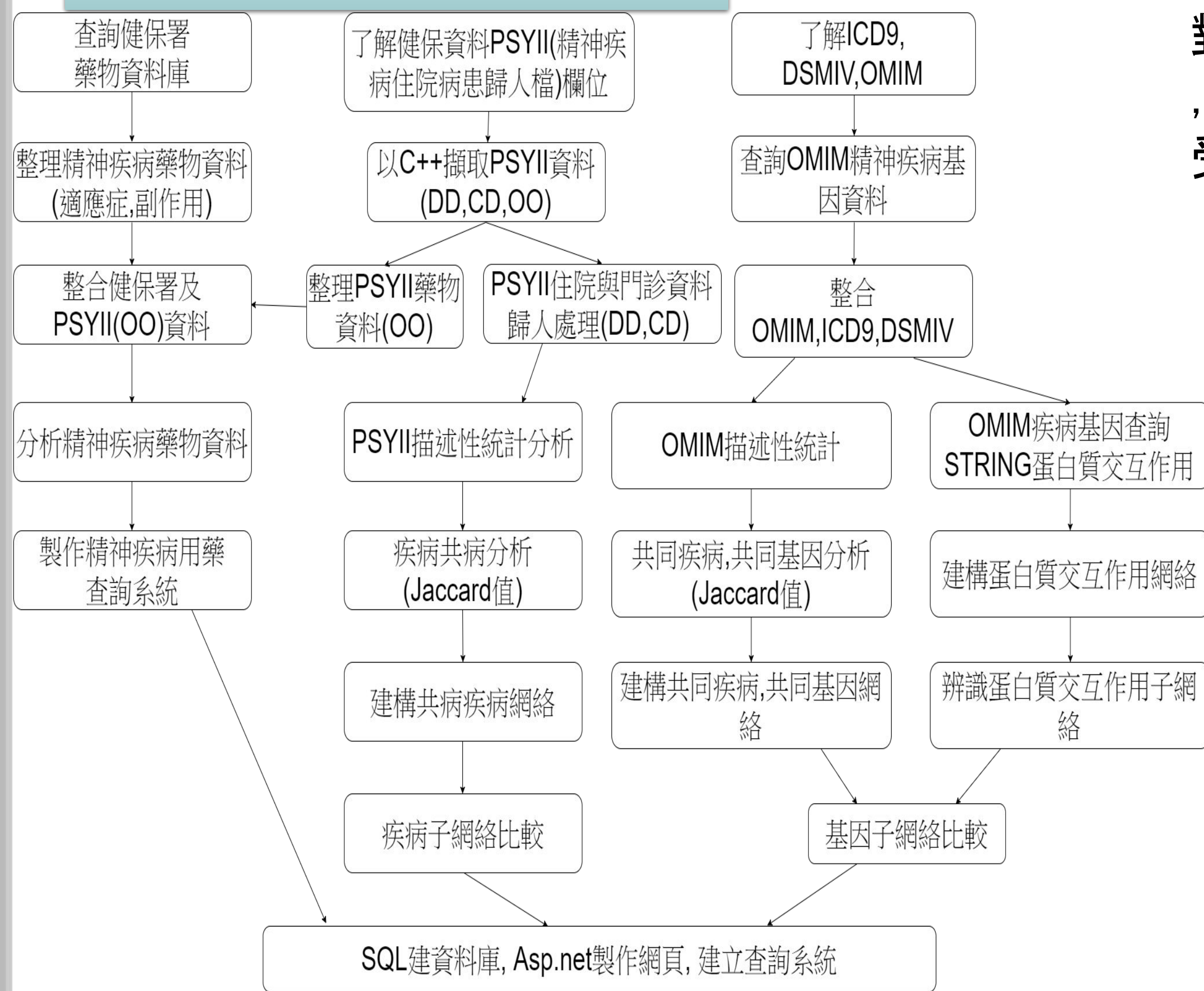


指導老師:陳光琦 老師
學生:李毅軒、鄧力誠、涂杏穎

研究目的

- 1.分析健保資料之精神疾病住院病患資料(PSYII) , 繪製疾病網絡圖。
- 2.查詢OMIM資料庫, 找出精神疾病之相關基因、繪製疾病網絡圖與基因網絡圖。
- 3.查詢STRING資料庫, 繪製蛋白質交互作用圖。整合不同資料來源之網絡圖, 綜合分析找出精神疾病潛在之共病。

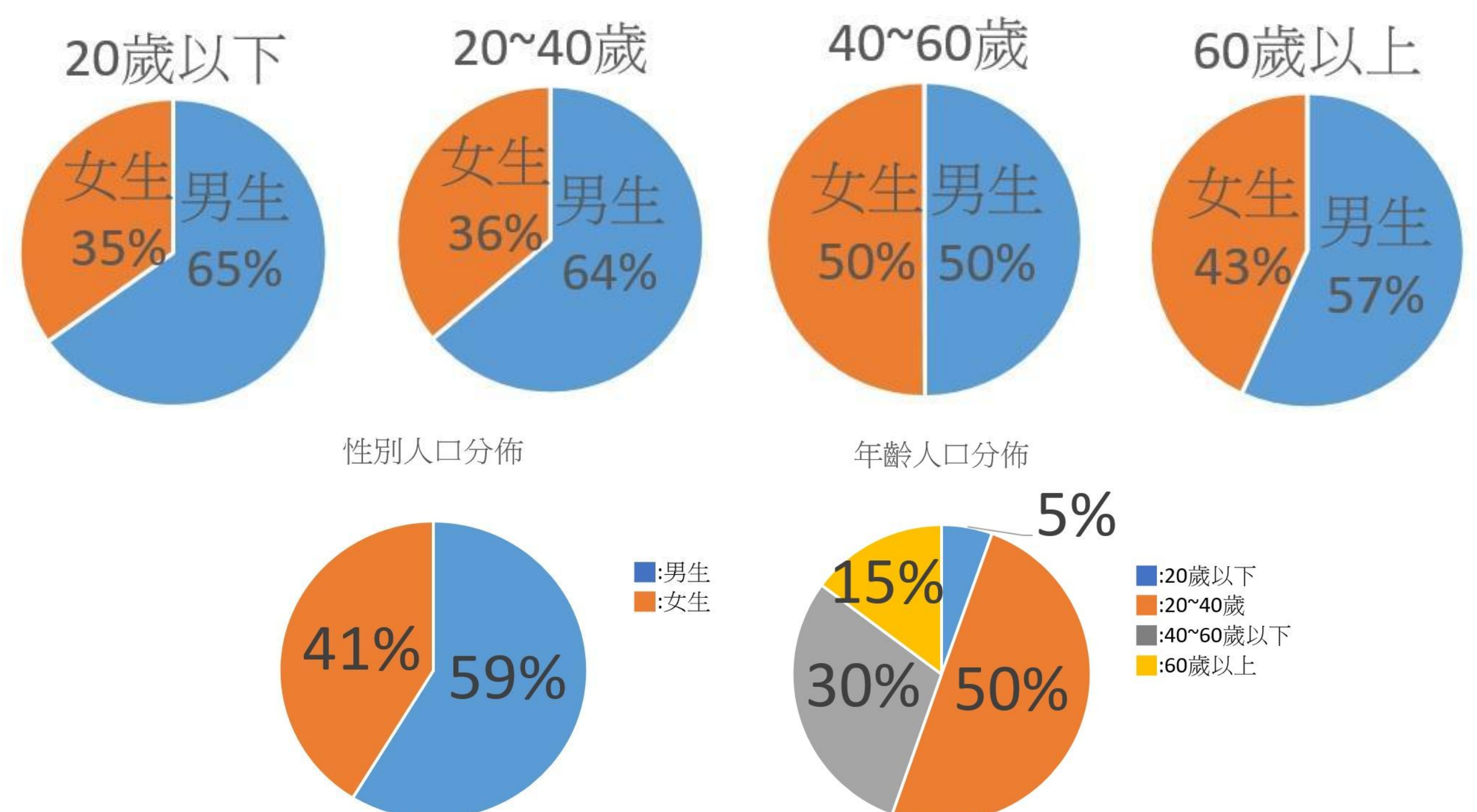
研究流程架構圖



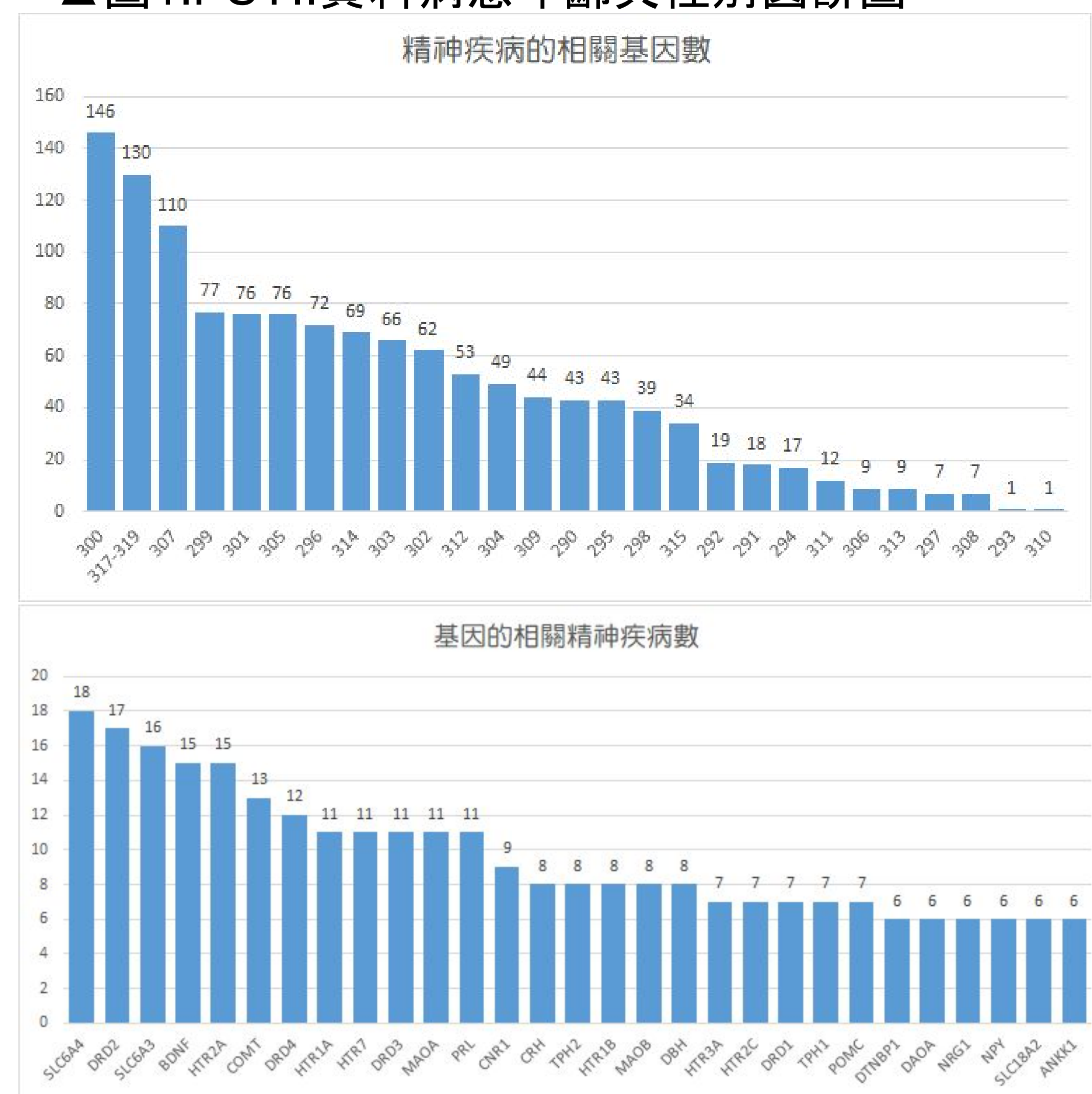
討論與結論

1. 由圖1得知, 男性較女性多, 可能因東方社會的男性不擅長釋放壓力, 長期累積導致。20~40歲也較其他年齡層多, 可能因剛步入社會, 擔憂多、壓力大。
2. 由圖3 ~ 圖6得知, 精神疾病與牙齒、消化方面疾病具有高度相關, 而酒精性精神病患易導致肝臟疾病。
3. 比較OMIM基因網絡與STRING蛋白質交互作用網絡(圖7 ~ 圖9), 得到(1) COMT基因與MAOA、DBH基因, (2)OPRK1基因與OPRL1、OPRD1、PDYN、CHRM2基因之間有實體蛋白質交互作用關係。COMT、MAOA、DBH對於神經的代謝作用有高度影響, 進而影響精神疾病, OPRK1、OPRL1、OPRD1、PDYN、CHRM2調節傷害感受和疼痛感覺。

基本資料分析



▲圖1.PSYII資料病患年齡與性別圓餅圖



▲圖2.OMIM基因疾病資料之描述性統計

研究方法

- 1.以疾病為節點之疾病網絡圖: 以不同資料 (健保資料、OMIM基因疾病資料), 分析疾病間相關性, 建構疾病網絡, 分析共病關係。
- 2.以基因為節點之基因網絡圖: 以不同資料 (OMIM基因資料、STRING蛋白質資料), 分析基因間相關性, 建構基因網絡、蛋白質交互作用, 比較關聯基因。
3. 整理精神疾病用藥, 了解藥物之功效與副作用, 分析藥物對於共病的影響。

應用工具

1. 健保資料之精神疾病住院病患PSYII的2006-2008年資料, 包含門診、住院、藥物資料共89,790人、13,284種藥物
2. OMIM基因資料庫、STRING蛋白質資料庫、健保署藥物查詢系統
3. 相關性測度 $Jaccard = a/(a+b+c)$
4. C 語言、Excel、Cytoscape、ASP.NET、JavaScript、CSS、SQL

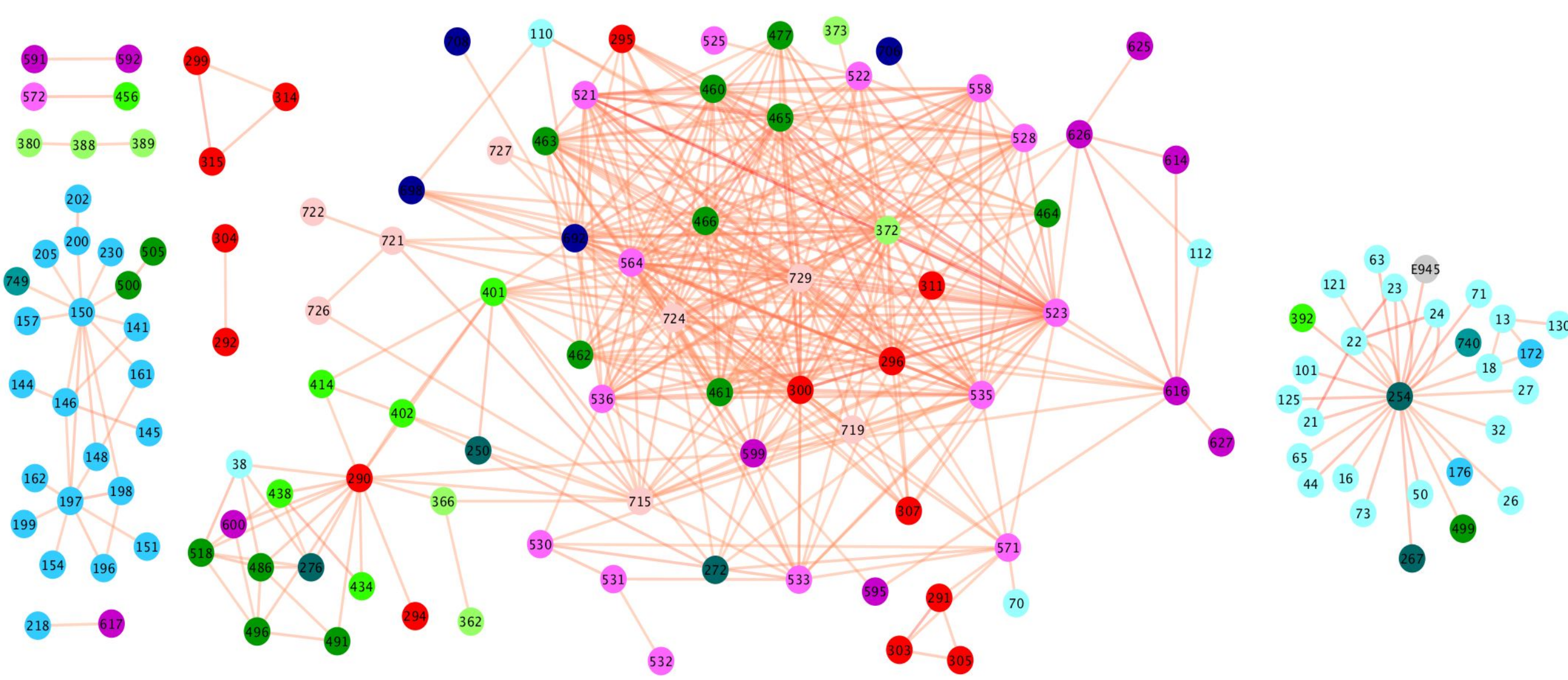
唯有的疾病人數	唯有的疾病人數
唯有的疾病人數	唯有的疾病人數
a	b
c	d

精神疾病診斷與基因之網絡關聯分析

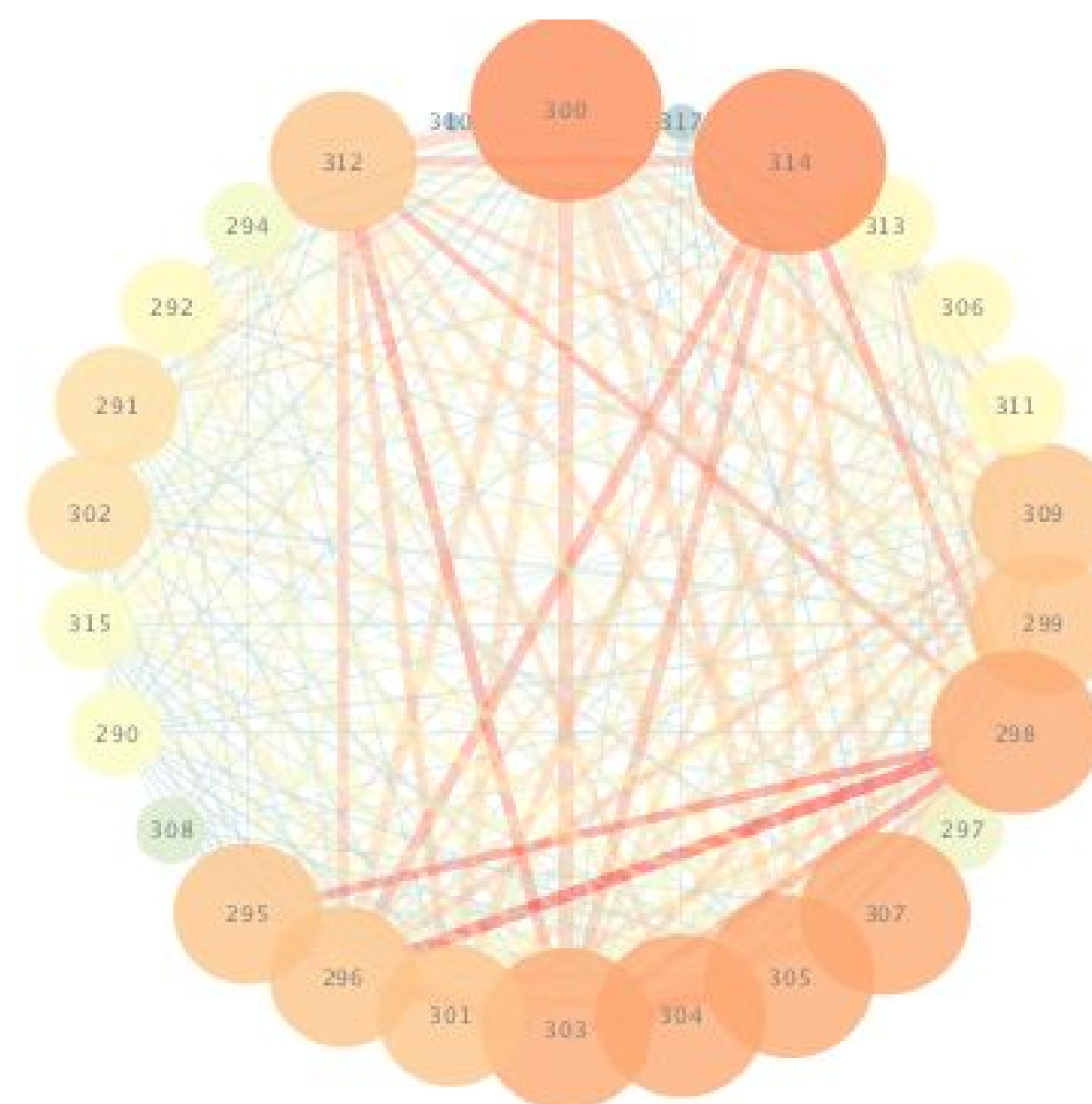


指導老師:陳光琦 老師
學生:李毅軒、鄧力誠、涂杏穎

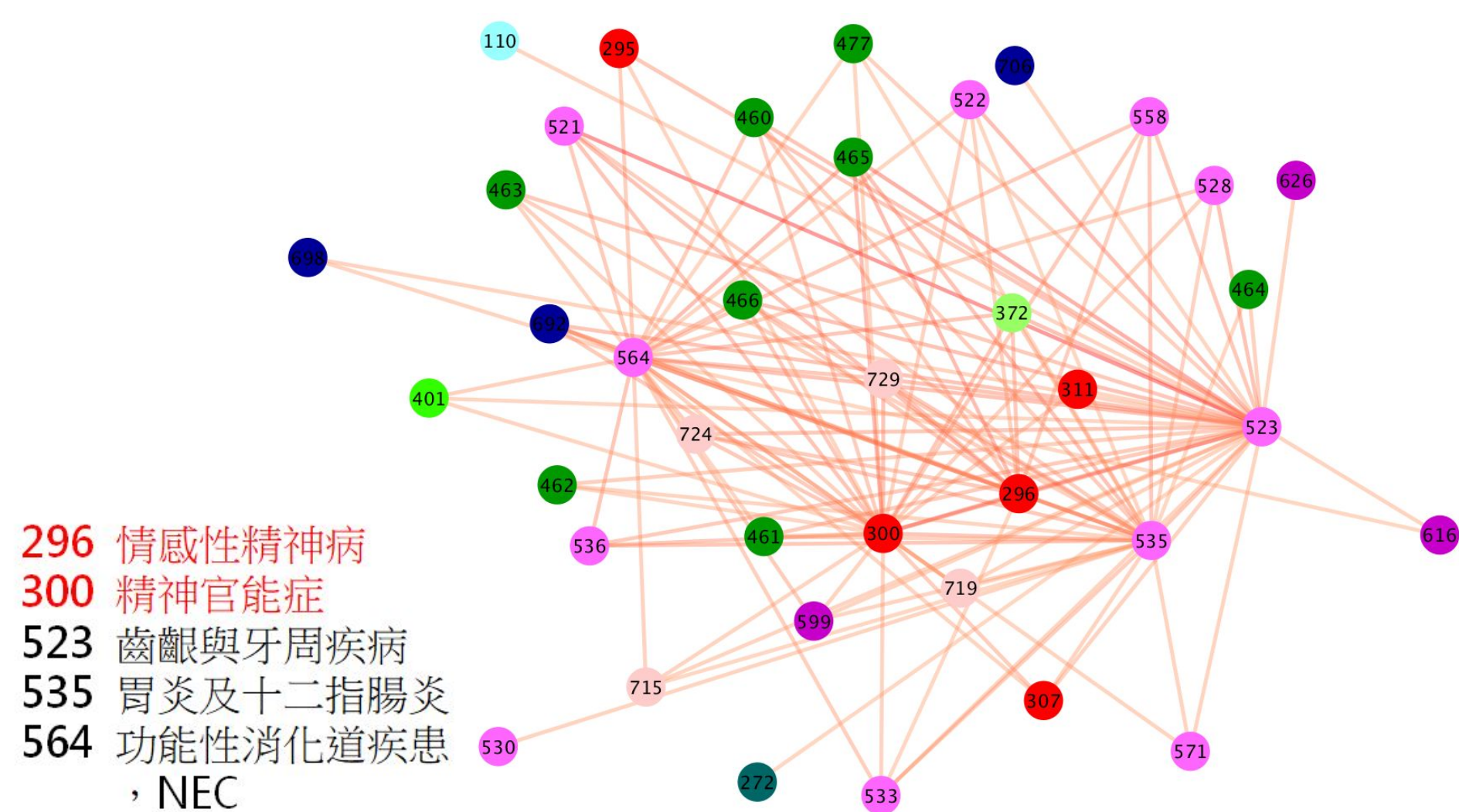
研究成果



▲圖3.PSYII—共病疾病網絡 (共病前0.25%)

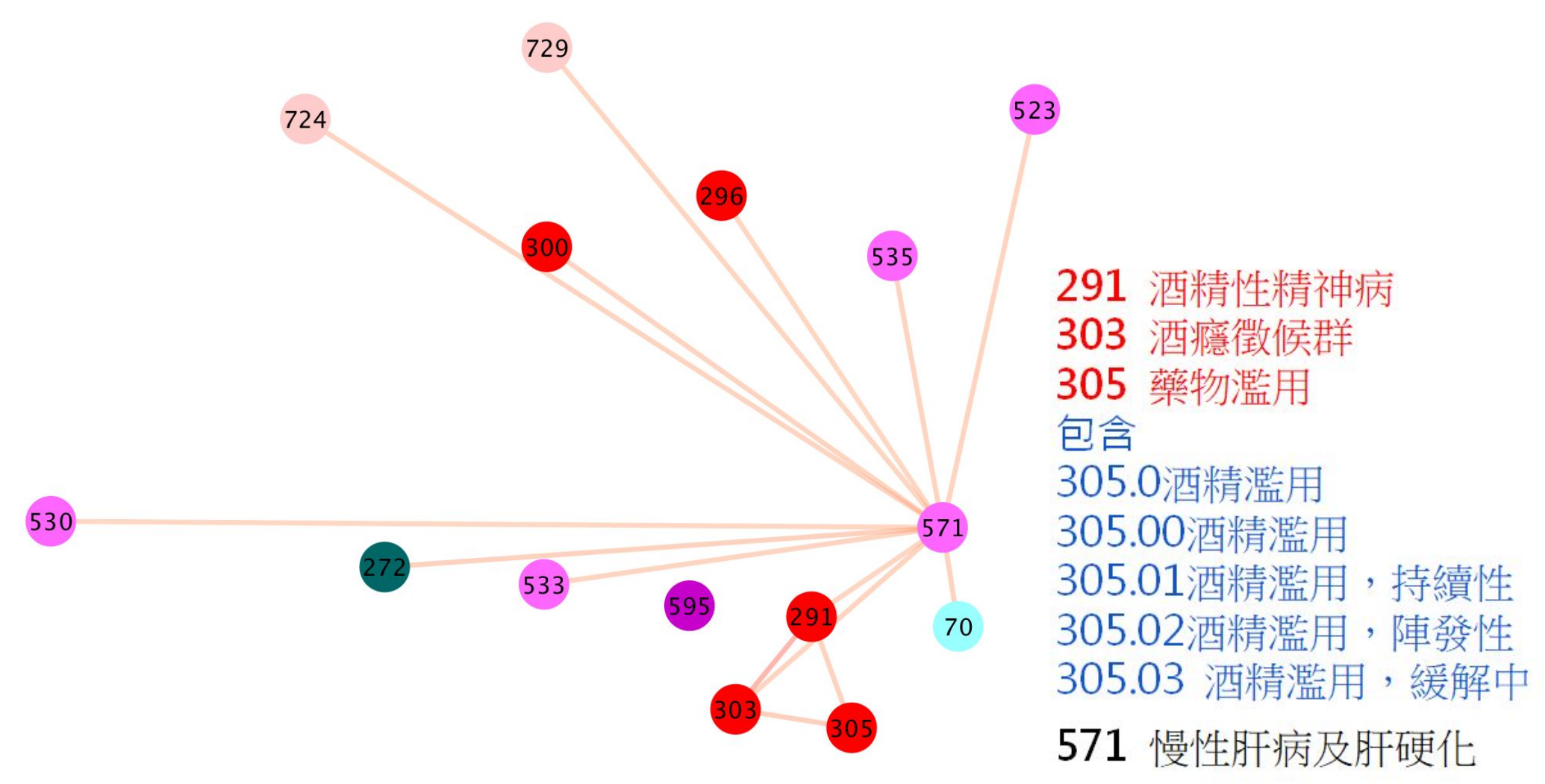


▲圖4.OMIM—基因疾病網絡



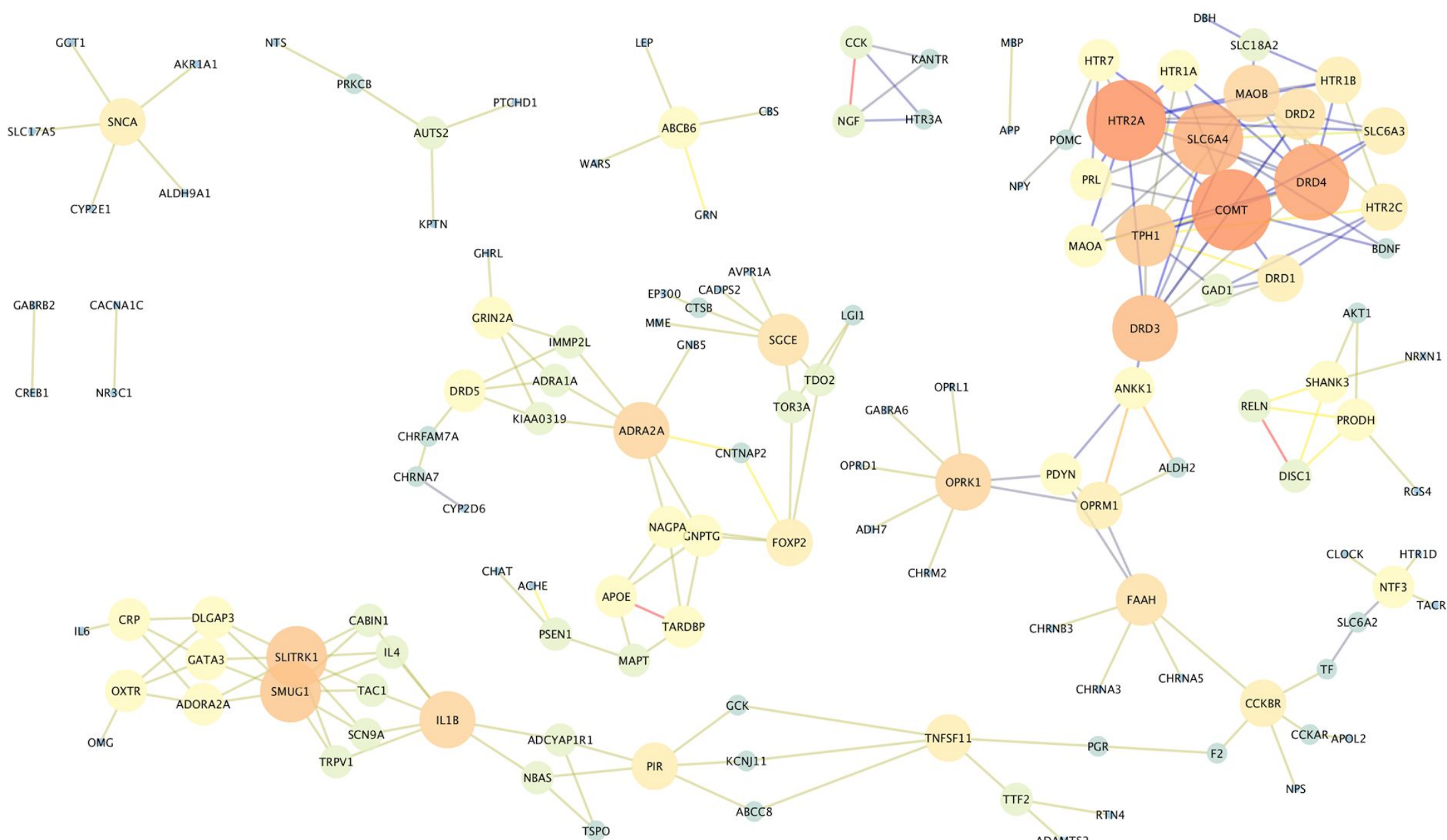
▲圖5.PSYII—子網絡分析(一)

「情感性精神病」發病前常被診斷為較輕微的「精神官能症」,「情感性精神」病患常伴隨有牙齒與消化方面疾病

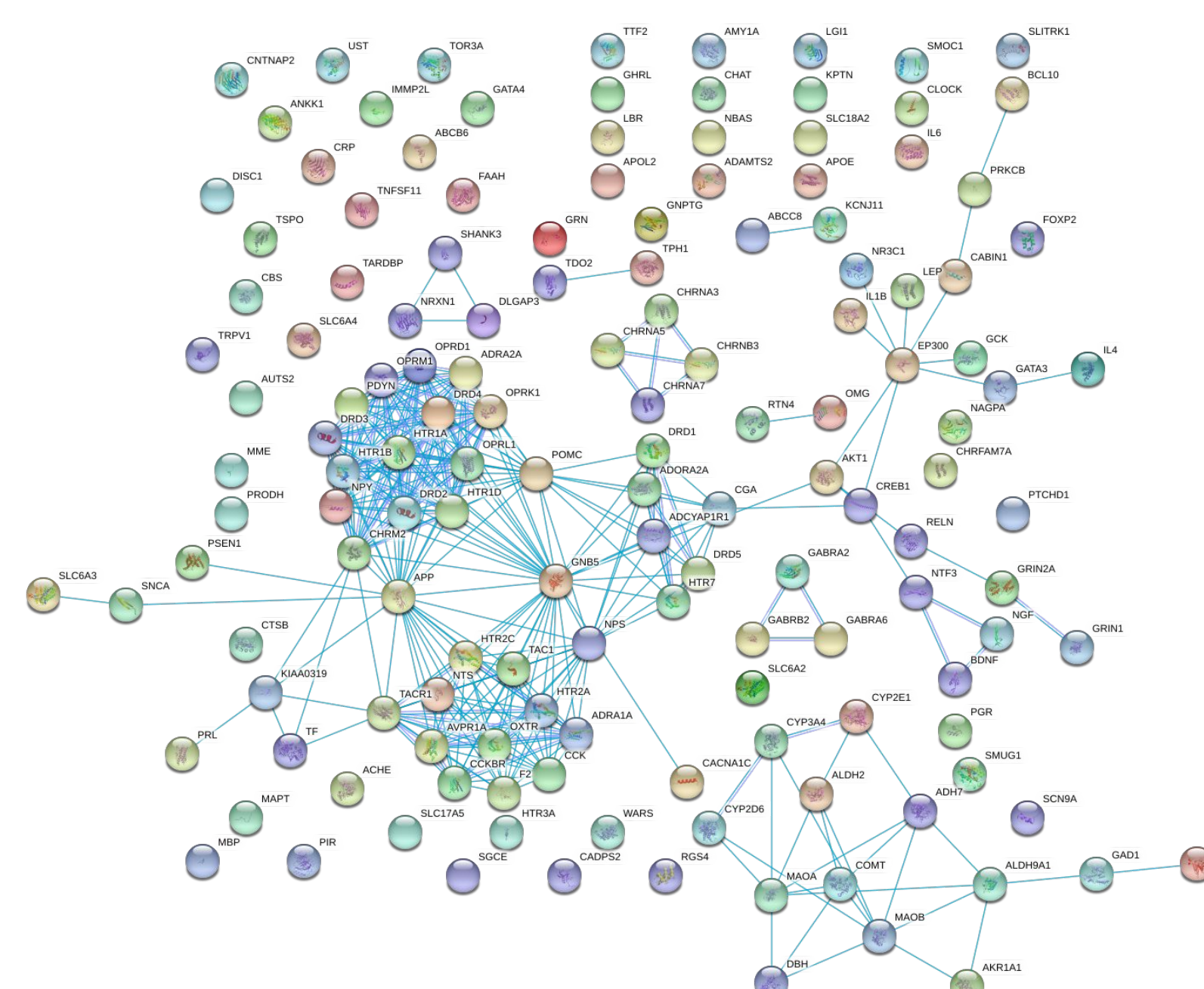


▲圖6.PSYII—子網絡分析(二)

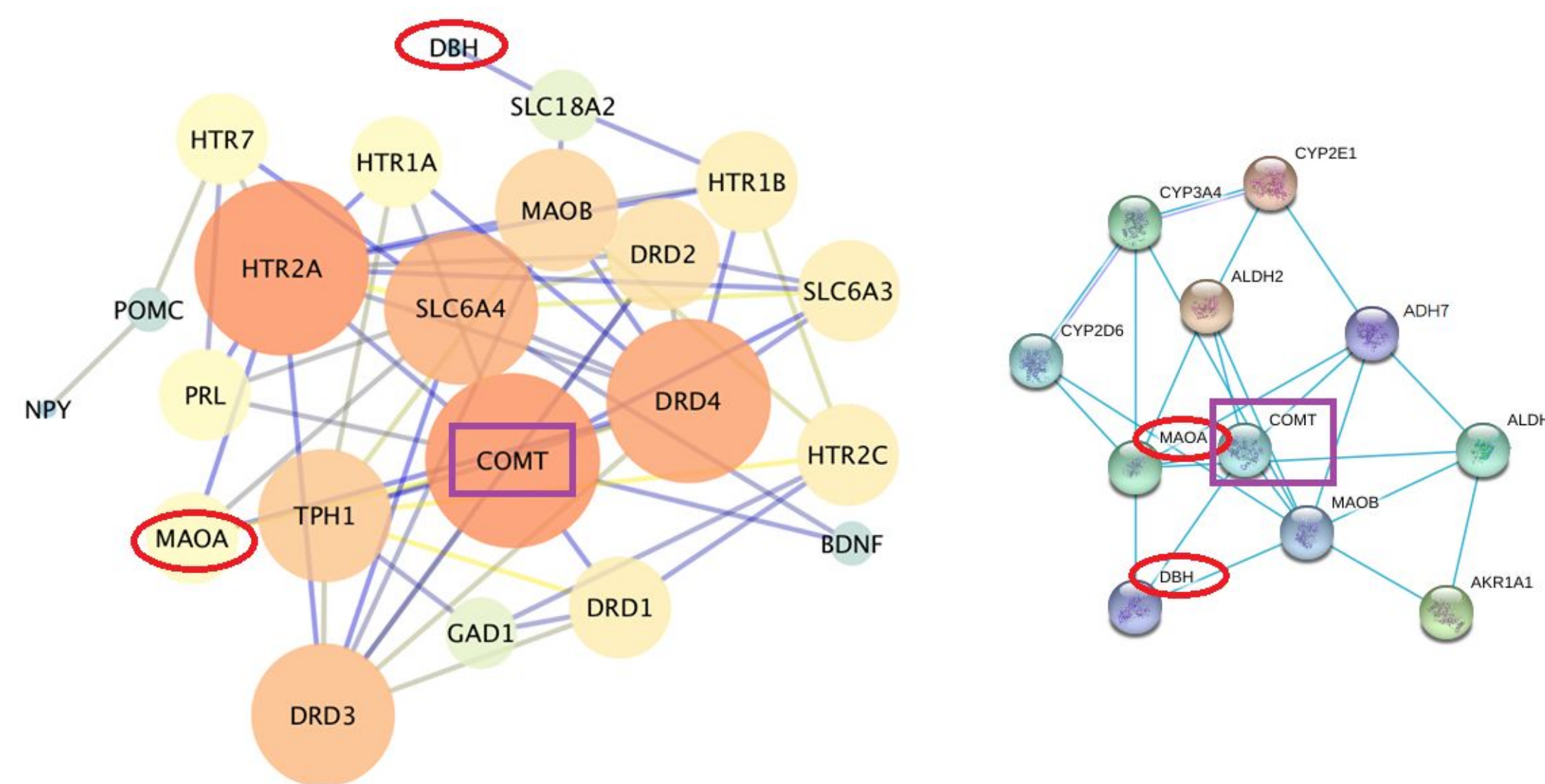
「酒精性精神」病患常有「酒癮徵候群」、「藥物濫用」等問題,因此易導致「慢性肝病及肝硬化」等肝臟方面的疾病



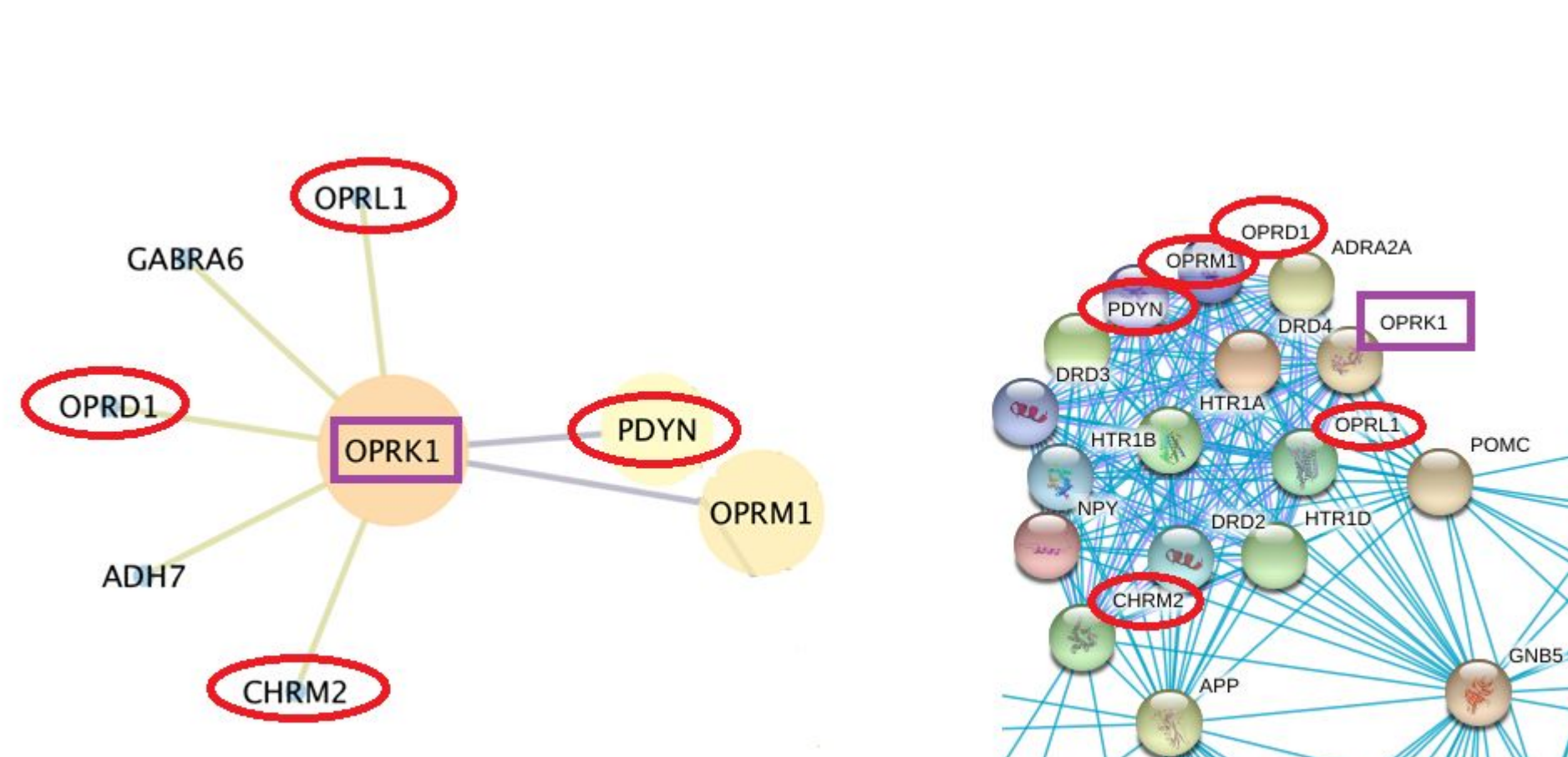
▲圖7.OMIM—疾病基因網絡



▲圖8.STRING蛋白質交互作用網絡



▲圖9A.基因與蛋白質子網絡比較(一)



▲圖9B.基因與蛋白質子網絡比較(二)