

Identification of Potential Immune-Related Genes Involved in Vitiligo: A Bioinformatic Analysis Based Study

Limin TIAN¹, Yangxingyun WANG², Mengjie WANG², Wei LI¹ & Yuenan YANG^{1*}

¹ Dermatology Department, The First Affiliated Hospital of Baotou Medical College,
Inner Mongolia University of Science and Technology, Baotou, 014010, China

² Baotou Medical College of Inner Mongolia University of Science and Technology,
Baotou, 014040, China

SUMMARY, Vitiligo is a common autoimmune depigmentation disease and its pathogenesis still under debate. This article performed a combination of bioinformatics methods to discover the potential immune related gene in vitiligo and to identify the value for diagnosing of immune related genes. Both microarray data sets of GSE80009 from the Gene Expression Omnibus (GEO) database and immune-related genes (IRGs) from the Immunology Database and Analysis Portal (ImmPort) database were retrieved. Differentially expressed immune-related genes (DE-IRGs) were identified based on the differentially expressed genes (DEGs) of the GSE80009 dataset, and 2483 IRGs. Functional enrichment analyses of DE-IRGs were performed based on Gene Ontology (GO) and Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes (KEGG) pathway analyses. A protein-protein interaction (PPI) network of DE-IRGs was constructed by the STRING database, in which potential hub genes were further explored. The comparative toxicogenomics database (CTD) was conducted to analysis the association between potential crucial genes and vitiligo. Besides, the receiver operating characteristic (ROC) curves as well as the corresponding area under the curve (AUC) of this gene were utilized to analyze the diagnostic value of the top 5 hub genes achieved from the above results. Fifty-three DE-IRGs were taken in further. Functional enrichment analysis demonstrated that these DE-IRGs were observably involved in some immune-related biological pathways and processes. STAT3, TNFRSF1A, CD14, RELA and PSME3 were considered the potential crucial immune-related genes. The ROC analysis suggested that RELA had the highest diagnostic performance among the top 5 hub genes. In addition, CTD showed TNFRSF1A have the highest score with vitiligo. In this research, a prognostic marker rely on immune-related genes for vitiligo was conducted, and identified 5 potential crucial genes (STAT3, TNFRSF1A, CD14, RELA, and PSME3) act as potential biomarkers for vitiligo using bioinformatic analyses. This study provided new insights of the immune-related genes that could provide a sensitive strategy for predicting prognosis in vitiligo.

RESUMEN, El vitiligo es una enfermedad despigmentante autoinmune común y su patogénesis aún está en debate. Este artículo realizó una combinación de métodos bioinformáticos para descubrir el gen potencial relacionado con el sistema inmunológico en el vitiligo e identificar el valor para el diagnóstico de genes relacionados con el sistema inmunológico. Se recuperaron ambos conjuntos de datos de microarrays de GSE80009 de la base de datos Gene Expression Omnibus (GEO) y genes relacionados con el sistema inmunológico (IRG) de la base de datos de inmunología y portal de análisis (ImmPort). Los genes relacionados con el sistema inmunitario expresados diferencialmente (DE-IRG) se identificaron en función de los genes expresados diferencialmente (DEG) del conjunto de datos GSE80009 y 2483 IRG. Los análisis de enriquecimiento funcional de DE-IRG se realizaron según los análisis de vías de Gene Ontology (GO) y Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes (KEGG). La base de datos STRING construyó una red de interacción proteína-proteína (PPI) de DE-IRG, en la que se exploraron más a fondo posibles genes centrales. La base de datos de toxicogenómica comparativa (CTD) se realizó para analizar la asociación entre posibles genes cruciales y el vitiligo. Además, las curvas de características operativas del receptor (ROC), así como el área correspondiente bajo la curva (AUC) de este gen, se utilizaron para analizar el valor diagnóstico de los 5 principales genes centrales logrados a partir de los resultados anteriores. Se llevaron a cabo cincuenta y tres DE-IRG. El análisis de enriquecimiento funcional demostró que estos DE-IRG estaban visiblemente involucrados en algunas vías y procesos biológicos relacionados con el sistema inmunológico. STAT3, TNFRSF1A, CD14, RELA y PSME3 se consideraron genes potencialmente cruciales relacionados con el sistema inmunológico. El análisis de la República de China sugirió que RELA tenía el rendimiento diagnóstico más alto entre los cinco genes principales.

KEY WORDS: bioinformatic gene analysis, immune-related gene, prognostic index, vitiligo.

* Author to whom correspondence should be addressed. *E-mails:* ynyang_cn@yeah.net, dsmhina17@gmail.com

Además, CTD mostró que TNFRSF1A tiene la puntuación más alta con vitíligo. En esta investigación, se llevó a cabo un marcador de pronóstico basado en genes relacionados con el sistema inmunológico para el vitíligo e identificó cinco genes cruciales potenciales (STAT3, TNFRSF1A, CD14, RELA y PSME3) que actúan como biomarcadores potenciales para el vitíligo mediante análisis bioinformáticos. Este estudio proporcionó nuevos conocimientos sobre los genes relacionados con el sistema inmunológico que podrían proporcionar una estrategia sensible para predecir el pronóstico del vitíligo.
