

Identifikasi Kandidat Biomarker Gangguan Koagulasi pada Pasien Kanker Kolorektal: Analisis GEO Data Transkriptomik = Identification of Biomarker Candidates for Coagulation Disorders in Colorectal Cancer Patients: Transcriptomic GEO Data Analysis

Reihan Khairunnisa, author

Deskripsi Lengkap: <https://lib.ui.ac.id/detail?id=9999920539157&lokasi=lokal>

Abstrak

Gangguan koagulasi merupakan komplikasi yang umum terjadi pada pasien kanker kolorektal dan dikaitkan dengan risiko morbiditas dan mortalitas. Terapi antikoagulan pada pasien kanker kolorektal dengan gangguan koagulasi cukup sulit dilakukan akibat berbagai risiko. Pencarian kandidat biomarker sebagai potensi target terapi diperlukan untuk mengembangkan strategi pengobatan baru yang dapat menurunkan risiko efek samping pengobatan. Dataset microarray GSE52060 berisi data profil gen 23 sel tumor pasien kanker kolorektal dan 23 sel mukosa normal dari pangkalan data GEO dianalisis menggunakan GEO2R untuk identifikasi gen dengan ekspresi berbeda bermakna (DEG) dengan standar $|\log_2(\text{Fold Change})| > 2$ dan $p < 0,05$. DEG yang memenuhi kriteria kemudian dilakukan analisis anotasi fungsi gen dengan analisis ontologi gen (GO) dan jalur KEGG. Analisis GEO2R menunjukkan terdapat 299 DEG antara sel tumor dan sel mukosa normal yang terdiri dari 221 gen yang mengalami down-regulasi dan 78 gen yang mengalami up-regulasi. Hasil analisis DEG oleh GO menunjukkan DEG cukup signifikan terjadi pada gen-gen yang terlibat dalam transport bikarbonat, transport anion, dan aktivitas carbonic anhydrase (CA). Hasil analisis DEG oleh jalur KEGG menunjukkan 23 DEG cukup signifikan pada berbagai jalur fisiologis maupun patologis dan memiliki hubungan dengan gangguan koagulasi pada lima jalur. Terdapat 23 gen yang memiliki potensi sebagai kandidat biomarker untuk pasien kanker kolorektal dengan gangguan koagulasi.

.....Coagulation disorders are common complications in colorectal cancer patients and are associated with the risk of morbidity and mortality. Anticoagulant therapy in colorectal cancer patients with coagulation disorders is difficult to carry out due to various risks and side effects. The search for biomarker candidates as potential targets for therapy is necessary to develop new treatment strategies that can reduce the risk of treatment side effects. The GSE52060 microarray dataset contains gene profile data of 23 tumor cells and 23 normal mucosal cells taken from colorectal cancer patients from the GEO database. The data was analyzed using GEO2R for identification of differentially expressed genes (DEGs). DEGs that met the criteria were then subjected to gene function annotation analysis using gene ontology (GO) analysis and KEGG pathways analysis. GEO2R analysis showed that there were 299 DEGs between tumor cells and normal mucosal cells consisting of 221 downregulated genes and 78 upregulated genes. The results of DEG analysis by GO showed that DEGs were enriched in bicarbonate transport, anion transport and carbonic anhydrase (CA) activity. The results of DEG analysis by the KEGG pathway showed that 23 DEGs were quite significant in various physiological and pathological pathways and had a connection with coagulation disorders in five pathways. Twenty-three genes have been identified as potential biomarkers for colorectal cancer patients with coagulation disorders.