

عنوان مقاله:

شناسایی ژن های مرتبط با پیش آگهی در سرطان پستان Her2-enriched با استفاده از تجزیه و تحلیل شبکه هم بیانی ژنی

محل انتشار:

فصلنامه بیماری های پستان، دوره 14، شماره 1 (سال: 1400)

تعداد صفحات اصل مقاله: 15

نویسندگان:

محمد درزی - *Department of Electrical Engineering and Information Technology, Iranian Research Organization for Science and Technology (IROST), Tehran, Iran*

سعید گرگین - *Department of Electrical Engineering and Information Technology, Iranian Research Organization for Science and Technology (IROST), Tehran, Iran*

کیوان مجیدزاده - *Genetics Department, Breast Cancer Research Center, Motamed Cancer Institute, ACECR, Tehran, Iran*

رضوان اسمعیلی - *Genetics Department, Breast Cancer Research Center, Motamed Cancer Institute, ACECR, Tehran, Iran*

خلاصه مقاله:

مقدمه: زیرگروه Her2-enriched در سرطان پستان پیش آگهی بدتری نسبت به زیرگروه های لومینال دارد. و اخیرا کشف درمان های هدفمند در سایر گروه های سرطان پستان منجر به افزایش بقاء بیماران شده است. هدف این مطالعه شناخت ژن های موثر در بقاء کلی این دسته از بیماران مبتنی بر زیست شناسی سامانه ای است. روش بررسی: مجموعه داده های بیان ژن و اطلاعات بالینی ۵۸ بیمار مبتلا به زیرگروه Her2-enriched از اطلس ژنوم سرطان دانلود شد. با استفاده از شبکه هم بیان ژنی وزن دار، ماژول های هم بیان شناسایی شدند. به منظور شناسایی ماژول های موثر بر بقاء کلی، از رگرسیون کاکس استفاده شد. آنالیز بقاء تک ژنی در درون ماژول منتخب انجام و در پایان ژن های معنی دار با استفاده از ابزار DAVID مورد تفسیر عملکردی قرار گرفتند. یافته ها: از میان شش ماژول هم بیان شناسایی شده، دو ماژول به طور معنی دار با پیش آگهی بدتر در بیماران مرتبط بودند. بر مبنای آنالیز بقاء تک ژنی، ۳۹٪ از ژن های ماژول منتخب، معنادار شناخته شد که رابطه معناداری با مسیرهای زیستی "Ubiquitin mediated proteolysis" و "RNA degradation" داشتند. ژن های KANSL3، PRRC2B، PPP1R26، CHAMP1 و ANAPC1 به ترتیب به عنوان ۵ ژن مهم در کاهش بقاء کلی شناسایی شدند. همچنین این ژن ها در مسیرهای مرتبط با تقسیم سلولی نقش دارند که تاییدکننده نقش آنها در سرطان است. نتیجه گیری: رویکرد زیست شناسی سامانه ای می تواند نتایج مناسبی در تحلیل بقاء بیماران داشته باشد. در این مطالعه ژن هایی شناسایی شدند که می توانند در مطالعات آزمایشگاهی به عنوان بیومارکرها برای پیش آگهی دهنده بقاء کلی بیماران زیرگروه Her2-enriched و همچنین کاندیداهای بالقوه برای درمان هدفمند این دسته از بیماران مورد استفاده قرار گیرند.

کلمات کلیدی:

HER2-enriched Breast Cancer, WGCNA, Co-expression Network, TCGA

سرطان، زیست شناسی سامانه ای، شبکه های وزندار، شبکه های هم

بیانی، Her2-enriched, WGCNA

لینک ثابت مقاله در پایگاه سیویلیکا:

<https://civilica.com/doc/1240768>

