

PENDAHULUAN

Analisis Differentially Expressed Genes (DEG) merupakan pendekatan dalam studi transkriptomik untuk melihat perubahan ekspresi gen antar kondisi. Database Gene Expression Omnibus (GEO) menyediakan dataset yang dapat dianalisis untuk mengetahui mekanisme molekuler suatu perlakuan atau penyakit yang dapat memengaruhi ekspresi gen. Salah satu bentuk perlakuan yang dapat memengaruhi ekspresi gen adalah hormon androgen seperti dihidrotestosterone (DHT). DHT merupakan hormon androgen yang berperan dalam regulasi fungsi dan aktivitas berbagai jaringan epitel seperti pada sel epitel kelenjar meibomian yang terdapat pada mata. Sel epitel kelenjar meibomian berperan dalam produksi lipid untuk menjaga kestabilan tear film yang aktivitasnya dipengaruhi oleh hormon androgen. Analisis ini bertujuan untuk mengidentifikasi DEG antara kelompok sel epitel kelenjar meibomian yang diberi perlakuan DHT dan kelompok kontrol vehicle-treated menggunakan tools web-based GEO2R.

METODE

Dataset yang digunakan dalam analisis ini adalah GSE18091 dari database publik NCBI Gene Expression Omnibus (GEO), yang meninjau sel epitel kelenjar meibomian dari 6 sampel. Analisis DEG dilakukan dengan membagi sampel ke dalam dua kelompok, yaitu DHT Treated sebanyak 3 sampel sebagai kelompok perlakuan dan Vehicle Treated sebagai kelompok kontrol sebanyak 3 sampel. Analisis dilakukan dengan GEO2R dengan parameter koreksi multiple testing menggunakan Benjamini & Hochberg False Discovery Rate (FDR). Kriteria gen yang dianggap signifikan adalah Adjusted p-value (adj.P.Val) < 0.05 dan $|\log_2 \text{Fold Change (logFC)}| > 1$. Untuk memastikan konsistensi alur analisis, proses GEO2R dilakukan sebanyak tiga kali replikasi dengan pembagian kelompok dan parameter yang sama.

HASIL DAN INTERPRETASI

Ketiga pengulangan analisis GEO2R menunjukkan hasil yang konsisten. Hasil analisis menunjukkan total DEG yang signifikan yaitu sebanyak 223 gen dengan gen up-regulated sebanyak 174 gen dan gen down-regulated sebanyak 49 gen. Beberapa gen yang mengalami peningkatan ekspresi (up-regulated) adalah CDC20, CCNB2, CCNA2. Sementara itu, beberapa gen yang mengalami penurunan ekspresi (down-regulated) adalah CDKN2B dan ID2. Hasil menunjukkan bahwa gen yang terkait dengan proliferasi meningkat ekspresinya serta gen inhibitor pembelahan menurun ekspresinya sehingga sel epitel kelenjar meibomian terdorong untuk masuk fase pembelahan sel lebih aktif. Perlakuan DHT mendorong respon spesifik terhadap androgen pada sel epitel kelenjar meibomian sehingga dapat meningkatkan aktivitas proliferasi sel dan mengurangi ekspresi gen penghambat.

KESIMPULAN

Analisis Differentially Expressed Genes (DEG) menggunakan GEO2R pada dataset GSE18091 mengidentifikasi gen-gen yang berbeda signifikan antara kelompok sel epitel kelenjar meibomian yang diberi perlakuan DHT dan kelompok kontrol. Ditemukan total 223 gen signifikan, dengan gen-gen yang terkait dengan proliferasi meningkat ekspresinya serta gen-gen inhibitor pembelahan menurun ekspresinya. Hasil tersebut menunjukkan bahwa perlakuan DHT memengaruhi regulasi ekspresi gen sehingga mengindikasikan adanya respon biologis pada sel epitel kelenjar meibomian terhadap stimulasi androgen.