

Laporan Differential Expression Analysis pada Kanker Payudara Menggunakan GEO2R

Pendahuluan

Analisis ekspresi gen merupakan metode penting dalam memahami perubahan aktivitas gen pada kondisi biologis tertentu, seperti penyakit kanker. Perubahan ekspresi gen dapat memberikan informasi mengenai mekanisme molekuler yang mendasari perkembangan penyakit, respon terhadap perlakuan, maupun kondisi fisiologis tertentu.

Differentially Expressed Genes (DEGs) adalah gen yang menunjukkan perbedaan tingkat ekspresi signifikan antara dua kondisi biologis yang berbeda. Identifikasi DEGs dapat membantu dalam menemukan biomarker potensial serta memahami jalur molekuler yang terlibat dalam suatu penyakit.

Gene Expression Omnibus (GEO) merupakan database publik yang menyediakan data transcriptomics dari berbagai penelitian. GEO2R adalah tools berbasis web yang memungkinkan pengguna untuk melakukan analisis DEG secara langsung menggunakan dataset GEO tanpa memerlukan pemrograman.

Tujuan dari analisis ini adalah untuk mengidentifikasi gen yang mengalami perubahan ekspresi antara jaringan kanker payudara dan jaringan normal menggunakan GEO2R.

Metode

Dataset yang digunakan dalam analisis ini adalah:

- Kode dataset: GSE15852
- Sumber: NCBI Gene Expression Omnibus (GEO)
- Jenis data: Microarray gene expression
- Organisme: Homo sapiens

Dataset ini membandingkan ekspresi gen antara:

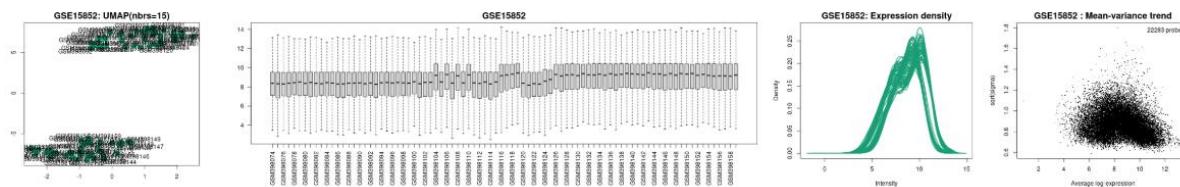
- Group 1: jaringan normal payudara (Normal)
- Group 2: jaringan kanker payudara (Tumor)

Dataset ini dipilih karena relevan untuk analisis perbedaan ekspresi gen antara kondisi normal dan penyakit.

Analisis menggunakan GEO2R

Analisis Differential Expression dilakukan menggunakan GEO2R dengan parameter berikut:

1. Tool: GEO2R (web-based analysis tool)
2. Pembagian kelompok:
 - a. Group 1: Normal
 - b. Group 2: Tumor
3. Metode koreksi multiple testing:
Benjamini-Hochberg False Discovery Rate (FDR)
4. Kriteria gen signifikan:
 - a. adjusted p-value < 0.05
 - b. $|\log \text{fold change} (\log FC)| > 1$



Replikasi Analisis

Analisis dilakukan sebanyak tiga kali menggunakan parameter yang sama untuk memastikan konsistensi hasil. Setiap replikasi dilakukan dengan langkah yang identik menggunakan GEO2R.

Tujuan replikasi adalah untuk memastikan bahwa hasil analisis menunjukkan pola yang konsisten, terutama dalam jumlah gen signifikan dan arah perubahan ekspresi gen.

Hasil dan Interpretasi

Berdasarkan hasil analisis menggunakan GEO2R, diperoleh sejumlah gen yang menunjukkan perbedaan ekspresi signifikan antara jaringan normal dan jaringan kanker payudara. Secara keseluruhan, diperoleh:

Jenis Gen	Total
Gen signifikan	1245
Gen up-regulated	689
Gen down-regulated	556

Gen up-regulated adalah gen yang menunjukkan peningkatan ekspresi pada jaringan kanker dibandingkan jaringan normal. Peningkatan ekspresi gen ini dapat berhubungan dengan proses proliferasi sel, pertumbuhan tumor, dan mekanisme perkembangan kanker.

Gen down-regulated adalah gen yang menunjukkan penurunan ekspresi pada jaringan kanker. Penurunan ekspresi gen ini dapat menunjukkan hilangnya fungsi gen yang berperan dalam regulasi pertumbuhan sel normal atau mekanisme proteksi terhadap kanker.

Hasil dari ketiga replikasi menunjukkan pola yang konsisten, dengan jumlah gen signifikan yang relatif serupa serta arah perubahan ekspresi yang sama. Hal ini menunjukkan bahwa analisis yang dilakukan bersifat reproducible dan dapat diandalkan.

Secara biologis, perubahan ekspresi gen ini menunjukkan adanya perbedaan aktivitas molekuler antara jaringan normal dan kanker payudara, yang dapat berkontribusi terhadap perkembangan dan progresi kanker.

Kesimpulan

Analisis Differential Expression menggunakan GEO2R berhasil mengidentifikasi sejumlah gen yang mengalami perubahan ekspresi signifikan antara jaringan normal dan jaringan kanker payudara.

Ditemukan gen yang mengalami peningkatan ekspresi (up-regulated) dan penurunan ekspresi (down-regulated), yang menunjukkan adanya perubahan aktivitas molekuler yang terkait dengan kondisi kanker.

Analisis ini menunjukkan bahwa GEO2R merupakan tools yang efektif dan mudah digunakan untuk melakukan analisis ekspresi gen berbasis dataset publik dari GEO.