Analysis

Huang LiChuang of Wie-Biotech

Contents

1	简要	1
2	附: 分析流程	1
	2.1 TCGA 差异分析	
	2.1.1 癌旁组织和癌组织的差异分析	. 1
	2.2 关联分析	
	2.3 以 STRINGdb 筛选乙酰酶和蛋白的结合	. 4
	2.4 CREBBP 在 TCGA 数据集中的表达	. 6
$\mathbf{L}_{\mathbf{i}}$	st of Figures	
	DEGs of HNSC	. 2
	2 Correlation heatmap	. 3
	CoA enzyme interact with the proteins	. 5
	4 CREBBP in TCGA dataset	. 6
$\mathbf{L}^{\mathbf{i}}$	st of Tables	
	Tables of DEGs of HNSC	. 2
	2 Tables of Correlation results	. 3
1	摘要	
见	析流程 2	
2	附: 分析流程	
2.	TCGA 差异分析	
2.1	1 癌旁组织和癌组织的差异分析	
Fig	ure 1 (下方图) 为图 DECs of HNSC 概览	

(对应文件为 Figure+Table/DEGs-of-HNSC.pdf)

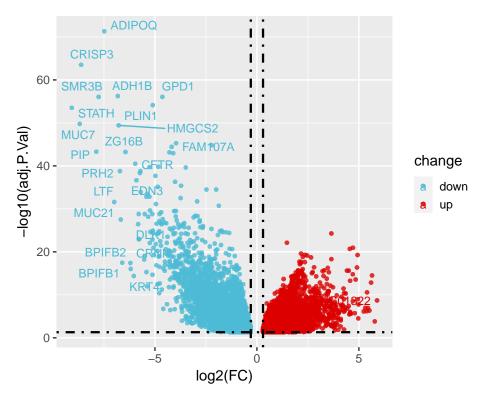


Figure 1: DEGs of HNSC

Table 1 (下方表格) 为表格 tables of DEGs of HNSC 概览。

(对应文件为 Figure+Table/tables-of-DEGs-of-HNSC.csv)

注: 表格共有 11560 行 7 列,以下预览的表格可能省略部分数据; 表格含有 11554 个唯一'gene_name'。

Table 1: Tables of DEGs of HNSC

gene	$\log FC$	AveExpr	t	P.Value	adj.P	В
ADIPOQ	-7.48	-5.09	-22.0	1.704	4.716	162.6
CRISP3	-8.62	-1.36	-20.3	2.228	3.082	144.9
ADH1B	-6.82	-2.61	-18.8	6.165	5.686	127.8
GPD1	-4.63	-0.66	-18.7	1.595	8.831	126.8
SMR3B	-7.76	-5.75	-18.7	1.536	8.831	126.4
PLIN1	-5.10	-2.70	-18.3	1.586	7.313	122.0
STATH	-9.07	-2.63	-18.2	7.926	3.133	120.8
MUC7	-8.68	-3.63	-17.4	4.831	1.670	112.1
HMGCS2	-6.78	-3.67	-17.3	1.210	3.722	111.0
FAM107A	-3.96	1.001	-16.4	1.896	5.246	101.6
CAB39L	-2.21	2.571	-16.3	6.235	1.568	100.4

gene	$\log FC$	${\rm AveExpr}$	t	P.Value	adj.P	В
SH3BGRL2	-4.18	3.082	-16.2	1.640	3.783	99.52
PIP	-7.87	-4.07	-16.0	2.315	4.928	96.82
ZG16B	-6.44	0.872	-16.0	2.939	5.808	96.66
NRG2	-4.28	-2.23	-15.9	3.875	7.148	96.15

2.2 关联分析

使用 Top 100 的 DEGs 对乙酰酶对应的基因分析关联性。

Figure 2 (下方图) 为图 Correlation heatmap 概览。

(对应文件为 Figure+Table/Correlation-heatmap.pdf)

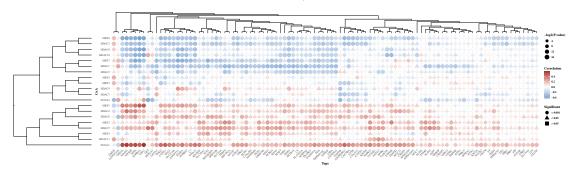


Figure 2: Correlation heatmap

Table 2 (下方表格) 为表格 tables of Correlation results 概览。

(对应文件为 Figure+Table/tables-of-Correlation-results.csv)

注: 表格共有 2000 行 7 列,以下预览的表格可能省略部分数据;表格含有 20 个唯一'CoA'。

Table 2: Tables of Correlation results

CoA	Tops	cor	pvalue	-log2	signi	sign
HDAC9	TNMD	-0.01	0.7905	0.339	> 0.05	_
HDAC7	TNMD	-0.05	0.2339	2.096	> 0.05	-
HDAC4	TNMD	0.12	0.0082	6.930	< 0.05	*
SIRT2	TNMD	0.29	0	16.60	< 0.001	**
SIRT6	TNMD	0.02	0.7017	0.511	> 0.05	-
NCOA1	TNMD	0.14	0.0013	9.587	< 0.05	*
SIRT4	TNMD	0.2	0	16.60	< 0.001	**
HDAC6	TNMD	0.14	0.0011	9.828	< 0.05	*
SIRT1	TNMD	0.02	0.72	0.473	> 0.05	-

CoA	Tops	cor	pvalue	-log2	signi	sign
HDAC10	TNMD	-0.08	0.0772	3.695	> 0.05	_
HDAC5	TNMD	0.26	0	16.60	< 0.001	**
HDAC1	TNMD	-0.25	0	16.60	< 0.001	**
NCOA3	TNMD	-0.22	0	16.60	< 0.001	**
SIRT5	TNMD	0	0.9554	0.065	> 0.05	-
SIRT3	TNMD	0.09	0.0518	4.270	> 0.05	-
<u></u>						

2.3 以 STRINGdb 筛选乙酰酶和蛋白的结合

以上述显著关联的基因 (P < 0.05) 和乙酰酶对应的蛋白构建互作网络 (STRINGdb 构建 PPI),提取乙酰酶 的作用关系。

Figure 3 (下方图) 为图 CoA enzyme interact with the proteins 概览。

(对应文件为 Figure+Table/CoA-enzyme-interact-with-the-proteins.pdf)

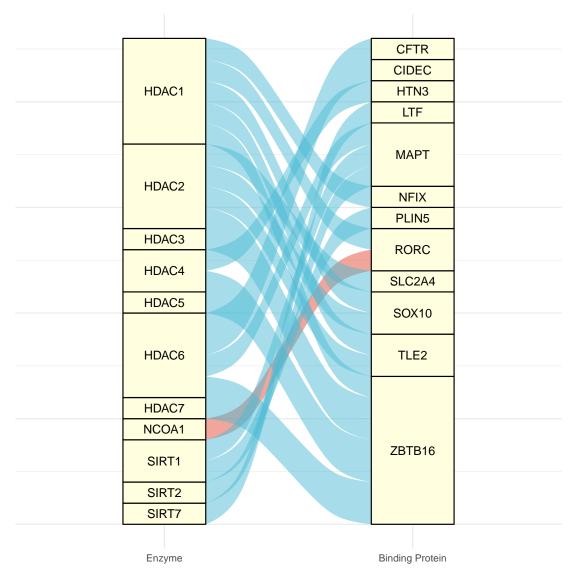


Figure 3: CoA enzyme interact with the proteins

以下为上述分析使用的乙酰酶:

histone acetyltransferase:

p300, CBP, NCOA1, NCOA3, HAT2a, HAT2b, MYST1, HAT5, MYST2, MYST3, MYST4

Histone deacetylase :

HDAC1, HDAC2, HDAC3, HDAC4, HDAC5, HDAC6, HDAC7, HDAC8, HDAC9, HDAC10, HDAC11, SIRT1, SIRT2, SIRT3, SIRT4, SIRT5, SIRT6, SIRT7

2.4 CREBBP 在 TCGA 数据集中的表达

CREBBP 为非差异表达基因。

Figure 4 (下方图) 为图 CREBBP in TCGA dataset 概览。

(对应文件为 Figure+Table/CREBBP-in-TCGA-dataset.pdf)

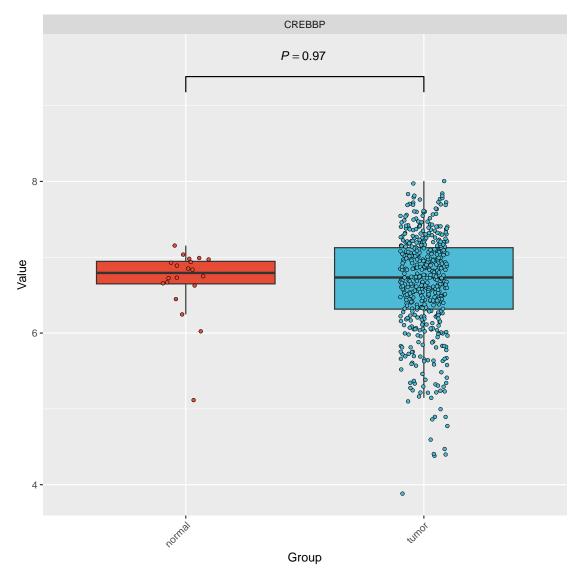


Figure 4: CREBBP in TCGA dataset