

PROFIL TRANSKRIPTOM TERKAIT ANGIOGENESIS PADA PASIEN KANKER NASOFARING INDONESIA

INTISARI

Latar belakang: Indonesia memiliki angka penderita kanker nasofaring yang cukup tinggi dengan laju kematian tertinggi di Asia Tenggara. Pemahaman tentang proses seluler, khususnya angiogenesis, dari kanker nasofaring pasien Indonesia masih minim. *Next-Generation Sequencing (NGS)* mampu memberikan informasi mengenai profil transkriptom yang dapat menggambarkan proses seluler, termasuk angiogenesis.

Tujuan: Penelitian ini bertujuan untuk mengetahui gen-gen terkait angiogenesis yang diekspresikan pada kanker nasofaring pasien Indonesia dan perbedaan level ekspresinya dibandingkan *non-kanker* nasofaring.

Metode: Sembilan sampel yang terdiri dari tujuh sampel kanker nasofaring dan dua kontrol diekstraksi total RNANYa dan dilakukan persiapan *sequencing*. Proses *sequencing* dilakukan menggunakan Illumina NextSeq 550 dengan metode *paired-end*. *Pipeline* bioinformatika yang digunakan untuk analisis data hasil *sequencing* diantaranya adalah FastQC, Hisat2, HTSeq, edgeR, dan Pantherdb.

Hasil: Sebanyak 2.046 gen teridentifikasi memiliki perbedaan level ekspresi pada sampel kanker nasofaring dengan nilai $FDR \leq 0,05$, yang meliputi 1956 *upregulated genes* dan 90 *downregulated genes*. Analisis *pathway* dari gen tersebut mengungkap 17 transkriptom terkait angiogenesis yang secara kuat diekspresikan pada sampel kanker nasofaring.

Kesimpulan: Penelitian ini berhasil menunjukkan profil transkriptom terkait angiogenesis dari kanker nasofaring pasien Indonesia menggunakan NGS yang diharapkan dapat menjadi biomarker dan target terapi potensial untuk kanker nasofaring.

Kata kunci: Kanker nasofaring, Transkriptom, Angiogenesis, *Next-Generation Sequencing*.

TRANSCRIPTOME PROFILE RELATED TO ANGIOGENESIS OF INDONESIAN NASOPHARYNGEAL CARCINOMA PATIENTS

ABSTRACT

Background: Nasopharyngeal carcinoma (NPC) cases in Indonesia is quite high and the death rate is the highest in Southeast Asia. The cellular process, especially angiogenesis, from Indonesian NPC patients is poorly understood. Next-Generation Sequencing (NGS) could provide transcriptomic profile which could portray cellular processes, including angiogenesis.

Aim: The aim of this study is to identify transcriptome-related angiogenesis in NPC from Indonesia patients.

Method: Nine samples consist of seven NPC tissue sample and two non-NPC samples were extracted for the total RNA and prepared for sequencing process. Sequencing process was performed using Illumina NextSeq 550 platform with paired-end method. Bioinformatics pipeline used to analyze the sequencing data was FastQC, Hisat2, HTSeq, Edger, and Pantherdb.

Result: Here, we identified 2.046 differentially expressed genes with $FDR \leq 0,05$, including 1.956 upregulated and 90 downregulated genes in NPC tissue samples. Pathways analysis of these differentially expressed genes reveals 17 transcriptomes-related angiogenesis which is strongly expressed in NPC tissue samples.

Conclusion: This study successfully presented transcriptome-related angiogenesis profile of Indonesian NPC patients using NGS which could be potential biomarkers and therapy targets for NPC.

Keyword: Nasopharyngeal carcinoma, Transcriptome, Angiogenesis, Next-Generation Sequencing.