

Profil Transkriptomik yang Mentarget Gangguan Proliferasi Sel Pada Jaringan Kanker Nasofaring Pasien Indonesia

INTISARI

Latar Belakang: Kanker nasofaring (NPC) merupakan jenis kanker dengan epidemiologi yang unik, yang prevalensinya tinggi di Indonesia. Penyebab terjadinya NPC bersifat multifaktoral, yaitu infeksi EBV, faktor kerentanan genetik, dan lingkungan. Kombinasi ketiga faktor tersebut akan menyebabkan perubahan ekspresi gen yang mengarah pada kejadian NPC.

Tujuan: Pada penelitian ini dilakukan analisis profil transkriptomik untuk mengetahui perubahan level ekspresi gen yang memicu terjadinya gangguan proliferasi sel pada jaringan NPC pasien Indonesia menggunakan teknologi *Next-Generation Sequencing* (Illumina NextSeq 550).

Metode: Penelitian ini bersifat eksploratif menggunakan metode *RNA-Seq* dengan analisis *in silico* menggunakan perangkat bioinformatika, yaitu FastQC, HISAT2, HTSeq, edgeR, PANTHER, dan DAVID.

Hasil: Hasil penelitian menunjukkan sebanyak 25943 gen terekspresi pada sampel NPC, dengan 1956 gen mengalami peningkatan level ekspresi secara signifikan, 90 gen mengalami penurunan level ekspresi secara signifikan, dan 23897 tidak mengalami perubahan secara signifikan ($P < 0,05$). Dari total gen yang berubah level ekspresinya tersebut, 33 gen diantaranya terkait dengan gangguan proliferasi sel. Gen-gen tersebut berperan dalam regulasi jalur persinyalan yang mengarah pada proliferasi sel kanker. Beberapa jalur persinyalan yang diregulasi oleh gen-gen tersebut antara adalah jalur persinyalan IGF, jalur persinyalan Notch, jalur persinyalan P13K, jalur persinyalan apoptosis, jalur persinyalan p53, dan jalur persinyalan Wnt.

Kesimpulan: Masing-masing gen yang berubah level ekspresinya tersebut mempunyai mekanisme yang berbeda dalam memicu terjadinya gangguan proliferasi sel pada kejadian NPC.

Kata kunci: kanker nasofaring, analisis transkriptomik, *next-generation sequencing*, proliferasi sel

Transcriptomic Profiling Targeting to Cell Proliferation Aberration in Nasopharyngeal Carcinoma of Indonesian Patients

ABSTRACT

Background: Nasopharyngeal carcinoma (NPC) is a type of cancer with unique epidemiology, with a high prevalence in Indonesia. The causes of NPC are multifactorial, such as EBV infection, genetic susceptibility, and the environment. The combination of these factors will cause changes in gene expression that leads to NPC.

Objective: In this research, transcriptomic profile analysis was performed to determine changes in gene expression that trigger cell proliferation aberration in NPC tissue of Indonesian patients using Next-Generation Sequencing technology (Illumina NextSeq 550).

Methods: This research is exploratory using RNA-Seq method with in silico analysis using bioinformatics tools, such as FastQC, HISAT2, HTSeq, edgeR, PANTHER, and DAVID.

Results: The results showed that 25943 genes were expressed in NPC samples, with 1956 genes are significantly upregulated, 90 genes are significantly downregulated, and 23897 genes did not significantly change the expression level ($P < 0,05$). From the total genes that change their expression level, 33 of them are associated with cell proliferation aberration. These genes play a role in the regulation of signaling pathways that lead to the cancer cell proliferation. Some signaling pathways that are regulated by these genes are the IGF signaling pathway, Notch signaling pathway, P13K signaling pathway, apoptotic signaling pathway, p53 signaling pathway, and Wnt signaling pathway.

Conclusion: Each gene that changes its expression level has a different mechanism in triggering the cell proliferation aberration in the case of NPC.

Keywords: nasopharyngeal carcinoma, transcriptomic analysis, next-generation sequencing, cell proliferation