

## 生物信息学方法对影响肺癌发生发展 关键基因的初步筛选

Junlong WANG, Junjie SHI, Wenzhou LIU, Yu SUN, Huaifu ZHOU

### 摘要

背景与目的 肺癌是最常见的恶性肿瘤之一。对于肺癌基因芯片的研究已在很多报道里提及，但是鲜有报道汇总所有的基因芯片数据来研究肺癌的共同表达通路从而挖掘出特殊的基因标记来作为治疗肺癌的靶点。本研究从肺癌相关的基因芯片数据库（GEO DataSets）中初步筛选出与肺癌发生发展有关键联系的基因与通路。方法 运用基因富集（gene set enrichment analysis, GSEA）等生物信息学方法比较选择出的6套肺癌基因芯片表达谱数据，初步筛选出在转录水平上影响肺癌的通路及基因。结果 用GSEA方法分析6组芯片集中所得的通路对比，上调中皆有的通路有3条；下调中皆有的通路有26条。本研究挑选共同存在于6套芯片数据集的下调通路即紧密连接（tight junction）通路里的基因进行meta分析，可得差异有统计学意义（ $P < 0.05$ ）的基因11个。结论 紧密连接通路在肺癌发生发展过程中的共性可能有一定研究意义，可在后续研究中探讨通路里的显著性基因。

DOI: 10.3779/j.issn.1009-3419.2012.11.07

### 关键词

肺肿瘤；基因富集；Meta分析；关键基因；紧密连接通路

全文: [PDF](#) [HTML](#)



## ARTICLE TOOLS

-  索引源数据
-  如何引证项目
-  查找参考文献
-  审查政策
-  Email this article (Login required)

## RELATED ITEMS

 Related studies  
[Databases](#)  
[Web search](#)  
 Show all

## ABOUT THE AUTHORS

**Junlong WANG**  
530021 南宁, 广西医科大学第一附属医院心胸外科 (通讯作者: 周华富,  
E-mail: zhouhfu@126.com)

**Junjie SHI**  
530021 南宁, 广西医科大学第一附属医院心胸外科 (通讯作者: 周华富,  
E-mail: zhouhfu@126.com)

**Wenzhou LIU**  
530021 南宁, 广西医科大学第一附属医院心胸外科 (通讯作者: 周华富,  
E-mail: zhouhfu@126.com)

**Yu SUN**  
530021 南宁, 广西医科大学第一附属医院心胸外科 (通讯作者: 周华富,

E-mail:  
zhouhfu@126.com)

*Huafu ZHOU*  
530021 南宁, 广西医科  
大学第一附属医院心胸外  
科 (通讯作者: 周华富,  
E-mail:  
zhouhfu@126.com)