

基底样型和Luminal A型乳腺癌microRNAs表达谱的生物信息学分析

姜茂竹, 麦仲伦, 曾融, 吴钢, 郑燕芳, 张积仁

510282 广州, 南方医科大学珠江医院肿瘤中心

Bioinformatics-based Analysis for microRNAs Expression Profiles between Basal-like and Luminal A Breast Cancers

JIANG Maozhu, MAI Zhonglun, ZENG Rong, WU Gang, ZHENG Yanfang, ZHANG Jiren

Oncology Center, Zhujiang Hospital, Southern Medical University, Guangzhou 510282, China

- 摘要
- 参考文献
- 相关文章

全文: PDF (1220 KB) HTML (KB) 输出: BibTeX | EndNote (RIS) 背景资料

摘要

目的

对基底型和Luminal A型乳腺癌microRNAs表达谱进行分析, 找出两种分子亚型乳腺癌之间差异表达的microRNAs, 并对差异表达microRNAs在不同分子亚型乳腺癌中可能发挥的生物学功能进行初步探讨。

方法

从公共基因芯片数据库GEO中筛选基底样型和Luminal A型乳腺癌microRNAs表达谱数据, 利用BRB-arrayTools软件筛选出差异表达的microRNAs。对差异表达的microRNAs, 利用TargetScan和miRDB靶基因预测软件及TarBase数据库获得可能的靶基因集。利用DAVID数据库, 对差异表达microRNAs的靶基因集进行进一步Gene Ontology和信号通路分析。

结果

通过对基底样型和Luminal A型乳腺癌microRNAs表达谱分析获得54个差异表达的microRNAs ($P \leq 0.001$)。相对于Luminal A亚型乳腺癌, 31个microRNAs在基底样型乳腺癌中上调表达, 而23个microRNAs下调表达。上调和下调表达microRNAs可能的靶基因集数目分别为4 916和3 217个。对于上调和下调microRNAs的靶基因集, Gene Ontology分析表明, 两个靶基因集分别在不同的生物学过程显著富集; KEGG通路分析分别涉及了35条和39条 ($P \leq 0.05$); BIOCARTA通路分析则分别涉及5条和9条 ($P \leq 0.05$)。

结论

本研究获得了基底样型和Luminal A型乳腺癌差异表达的microRNAs, 并通过靶基因功能分析获得差异表达microRNAs在两种分子亚型乳腺癌之间可能参与的不同生物学过程及信号通路, 可能在不同分子亚型乳腺癌中发挥不同的调节作用。

关键词: 乳腺癌 基底样型 Luminal A型 微小RNAs 生物信息学

Abstract:

Objective

To explore differently expressed microRNAs between basal and Luminal A subtype of breast cancers and study the regulatory roles of these microRNAs.

Methods

A dataset of microRNAs expression profilings of basal and Luminal A subtype of breast cancers was obtained from GEO database and analyzed by BRB-ArrayTolls. Target gene sets were collected by prediction software TargetScan, miRDB and TarBase. And then Gene Ontology categories and pathways of target gene sets were further analyzed by DAVID database.

Results

服务

- ▶ 把本文推荐给朋友
- ▶ 加入我的书架
- ▶ 加入引用管理器
- ▶ E-mail Alert
- ▶ RSS

作者相关文章

- ▶ 姜茂竹
- ▶ 麦仲伦
- ▶ 曾融
- ▶ 吴钢
- ▶ 郑燕芳
- ▶ 张积仁

Up-regulation of 31 microRNAs in down-regulation of 23 microRNAs were identified in basal compared with Luminal A breast cancers ($P \leq 0.001$).

Correspondingly, two gene sets of 4 916 and 3 217 target genes were collected. Further Gene Ontology analyses showed that different Gene Ontology categories were enriched between two target gene sets. There were 35 and 39 KEGG pathways ($P \leq 0.05$) were enriched separately in two target gene sets. Also, 5 and 9 BIOCARTA pathways were enriched ($P \leq 0.05$).

Conclusion

There are different microRNAs expression patterns between Basal and Luminal A breast cancers. Function analysis indicated that differently expressed microRNAs may take part in quite different biological processes and signaling pathways, and may have different regulating roles in different breast cancers.

Key words: Breast cancer Basal Luminal A microRNAs Bioinformatics

收稿日期: 2012-07-30;

通讯作者: 郑燕芳, E-mail: zyfcn@yahoo.com; 张积仁, E-mail: zhangjiren@126.com E-mail: zyfcn@yahoo.com

作者简介: 姜茂竹 (1982-), 男, 博士在读, 主要从事微小RNAs和肿瘤关系的研究

引用本文:

姜茂竹, 麦仲伦, 曾融等. 基底样型和Luminal A型乳腺癌microRNAs表达谱的生物信息学分析[J]. 肿瘤防治研究, 2013, 40(05): 417-421.

JIANG Maozhu, MAI Zhonglun, ZENG Rong et al.
Bioinformatics-based Analysis for microRNAs Expression Profiles between Basal-like and Luminal A Breast Cancers

[J]. Cancer Research on Prevention and Treatment, 2013, 40(05): 417-421.

没有本文参考文献

- [1] 李小龙, 成宏, 赵晨晖, 涂刚. 乳腺癌临床病理指标以及分子分型对TEC新辅助化疗病理完全缓解的预测价值[J]. 肿瘤防治研究, 2013, 40(06): 599-603.
- [2] 杜芸, 李迎娟, 吴家宁, 王珩. 自噬基因Beclin1在细针穿刺乳腺癌病变中的表达及其与Bcl-2和p53的相关性[J]. 肿瘤防治研究, 2013, 40(05): 459-462.
- [3] 代醒, 李向柯, 吴海波, 王楠, 王留兴. 替吉奥单药治疗老年晚期乳腺癌的临床疗效与安全性[J]. 肿瘤防治研究, 2013, 40(05): 481-484.
- [4] 汪春林, 黄盛鑫, 程小伟, 张勇. VEGF+936C/T多态性与乳腺癌易感性关系的Meta分析[J]. 肿瘤防治研究, 2013, 40(05): 489-494.
- [5] 吴晓波, 曹亚丽, 谢春伟, 刘秋明, 瞿伟. TRAIL及其受体在乳腺癌组织中的表达及意义[J]. 肿瘤防治研究, 2013, 40(04): 345-348.
- [6] 崔慧霞, 董云青, 姜又红. 人乳腺珠蛋白在乳腺癌生物免疫治疗研究中的进展 [J]. 肿瘤防治研究, 2013, 40(04): 388-390.
- [7] 邵彬, 余靖, 邸立军, 宋国红, 朱步东, 车利, 贾军, 姜晗昉, 祝毓琳, 梁旭, 张洁, 王超颖, 严颖, 吕敏, 林晓琳, 黄晓蕾, 尤渺宁, 王小利, 周心娜, 任军. 乳腺癌恶性胸腔积液的临床特征及预后因素分析[J]. 肿瘤防治研究, 2013, 40(04): 381-387.
- [8] 张守鹏, 苟雪琼, 黄韬. 副乳腺癌的临床资料回顾[J]. 肿瘤防治研究, 2013, 40(04): 391-394.
- [9] 尹富强, 张玮, 李力. 卵巢癌多药耐药相关抑癌基因的生物信息学分析[J]. 肿瘤防治研究, 2013, 40(04): 400-406.
- [10] 陈静琦, 曾波航, 朱必胜, 侯开连. PI3K和MEK抑制剂抑制选择性激活的巨噬细胞促乳腺癌细胞浸润迁移的研究[J]. 肿瘤防治研究, 2013, 40(03): 221-225.
- [11] 张丽, 佟仲生, 李淑芬, 史业辉, 郝春芳. 紫杉醇脂质体对乳腺癌MCF-7细胞生长抑制作用的机制[J]. 肿瘤防治研究, 2013, 40(02): 138-143.
- [12] 王雯逸, 袁芑, 徐兵河. 替吉奥单药治疗转移性乳腺癌获部分缓解1例并文献复习[J]. 肿瘤防治研究, 2013, 40(02): 218-220.
- [13] 钱红, 黎晴, 杨梅, 曹桂明. VEGF-C阳性肥大细胞与乳腺癌淋巴管生成及淋巴结转移的关系[J]. 肿瘤防治研究, 2013, 40(01): 56-58.
- [14] 刘秋明, 曹亚丽, 吴晓波, 夏勇, 涂剑宏, 欧阳倩雯, 周平, 胡平华, 陈军. 乳腺癌分子分型在多西他赛密集新辅助化疗疗效及预后中的预测价值[J]. 肿瘤防治研究, 2013, 40(01): 59-64.
- [15] 崔娜, 陈治, 李小雷, 董谓楣, 张路华, 李娜娜, 王雅卿. 植物雌激素对DMBA诱导的雌性幼年SD大鼠乳腺癌发生发展的干预实验[J]. 肿瘤防治研究, 2012, 39(7): 773-775.

鄂ICP备08002248号

版权所有 © 《肿瘤防治研究》编辑部

本系统由北京玛格泰克科技发展有限公司设计开发 技术支持: support@magtech.com.cn