

ПОИСК ПРОГНОСТИЧЕСКИХ МАРКЕРОВ ГЕПАТОЦЕЛЛЮЛЯРНОЙ КАРЦИНОМЫ С ПОМОЩЬЮ ИНТЕЛЛЕКТУАЛЬНОГО АНАЛИЗА ТЕКСТОВ И ДАННЫХ¹

© 2023 г. Z. H. Yang^a, S. X. Wang^b, *

^a*School of Criminal Law, East China University of Political Science and Law, Shanghai, 200042 China*

^b*Department of Transfusion, Minhang Hospital, Fudan University, Shanghai, 201199 China*

*e-mail: 2021110083@ecupl.edu.cn

Поступила в редакцию 20.04.2022 г.

После доработки 15.09.2022 г.

Принята к публикации 14.10.2022 г.

Транскатетерная артериальная химиоэмболизация — один из интервенционных методов лечения гепатоцеллюлярной карциномы (ГЦК). Этот метод обычно используют для пациентов с ГЦК от промежуточной до прогрессирующей стадий. Логично предположить, что идентификация генов, связанных с ГЦК, позволит повысить результативность транскатетерной артериальной химиоэмболизации. С целью исследовать роль связанных с ГЦК генов, и предоставить достоверные доказательства лечения с применением транскатетерной артериальной химиоэмболизации мы провели комплексный биоинформатический анализ. С помощью интеллектуального анализа текста (“гепатоцеллюлярная карцинома”) и анализа данных микрочипа (GSE104580) мы получили стандартный набор генов, который проанализировали по генной онтологии и Киотской энциклопедии генов и геномов (Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes). Значимые восемь генов, кластеризованные в сеть белок-белковых взаимодействий, выбрали для дальнейших исследований. При анализе выживаемости обнаружено, что низкая экспрессия ключевых генов тесно связана с показателем выживаемости пациентов, принимавших участие в исследовании. Для оценки корреляции между экспрессией ключевых генов и иммунной инфильтрацией опухоли использовали корреляционный анализ Пирсона. В результате идентифицировано 15 препаратов, нацеленных на семь из восьми исследованных генов, на основании чего их можно рассматривать как потенциальные лекарственные компоненты для транскатетерной артериальной химиоэмболизации при лечении ГЦК.

Ключевые слова: рак печени, гепатоцеллюлярная карцинома, транскатетерная артериальная химиоэмболизация, биоинформатический анализ, прогноз

DOI: 10.31857/S0026898423030187, EDN: CHYJBX

Exploring the Prognostic Features of Hepatocellular Carcinoma via Text Mining and Data Analysis

Z. H. Yang¹ and S. X. Wang², *

¹*School of Criminal Law, East China University of Political Science and Law, Shanghai, 200042 China*

²*Department of Transfusion, Minhang Hospital, Fudan University, Shanghai, 201199 China*

*e-mail: 2021110083@ecupl.edu.cn

Transcatheter arterial chemoembolization is one of the interventional treatments for hepatocellular carcinoma (HCC). This treatment is generally used for patients with intermediate to advanced hepatocellular carcinoma, and identifying the role of HCC-related genes can help improve the efficiency of transcatheter arterial chemoembolization. To investigate the role of HCC-related genes and to provide valid evidence for transcatheter arterial chemoembolization treatment, we performed a comprehensive bioinformatics analysis.

¹ Статья представлена авторами на английском языке.

Through text mining (“hepatocellular carcinoma”) and microarray data analysis (GSE104580), we obtained a standard gene set, which was followed by gene ontology and Kyoto Gene and Genome Encyclopedia analysis. The significant 8 genes clustered in protein-protein interactions network were chosen to be used in the follow-up analysis. Through survival analysis low expression of the key genes were found to be strongly associated with survival in HCC patients in this study. The correlation between the expression of the key genes and tumor immune infiltration was assessed by Pearson correlation analysis. As a result, 15 drugs targeting seven of the eight genes have been identified, and therefore can be considered as potential components for transcatheter arterial chemoembolization treatment of HCC.

Keywords: liver cancer, hepatocellular carcinoma, transcatheter arterial chemoembolization, bioinformatics analysis, prognosis