

## SHIP2 Expression and Clinical Significance of Gastric Cancer in the TCGA DATABASE

Min WANG<sup>1</sup> & Yongbo WANG<sup>2\*</sup>

<sup>1</sup> The First Hospital of Lanzhou University, The First School of Clinical Medical, Lanzhou, 730000, China

<sup>2</sup> Department of Chinese Traditional Medicine, Gangu Xian Ren Min Hospital, Tianshui, 741200, China

**SUMMARY.** SH2-containing inositol phosphatase 2 (SHIP2) plays an important role in tumorigenesis and progression; however, the clinicopathological significance of SHIP2 expression in gastric cancer has not been determined. This study aimed to find new targets for the treatment of gastric cancer based on the gene sequencing data of gastric cancer and adjacent tissues in the Cancer Genome Atlas (TCGA) database. Transcriptome data were extracted from the TCGA database and protein interaction networks were constructed using the STRING tool. The correlation between SHIP2 and clinicopathological features and prognosis was evaluated by Kaplan-Meier plotter and GEPIA database. The potential mechanism of SHIP2 was explored through GO and KEGG enrichment. TCGA database analysis showed SHIP2 overexpression in gastric cancer group. SHIP2 expression in gastric cancer was related to clinical responses such as metabolic process, signaling, movement, process, stimulation response, and biological regulation. Kaplan-Meier curve obtained from the survival analysis of the first 10 key genes showed that the prognosis of patients with high expression of ARAP3 was poor. The reduction of ARAP3 gene level significantly affected the overall survival ( $p < 0.05$ ) of gastric cancer patients. The area under the ROC curve was 0.769, the critical value was 5.277, the sensitivity was 0.685, and the specificity was 0.750. SHIP2 may be a promising potential marker for diagnosis and prognosis in gastric cancer patients. Targeted therapy may provide a new strategy for the treatment of gastric cancer.

**RESUMEN.** La inositol fosfatasa 2 (SHIP2) que contiene SH2 desempeña un papel importante en la tumorigénesis y la progresión; sin embargo, no se ha determinado la importancia clínico-patológica de la expresión de SHIP2 en el cáncer gástrico. Este estudio tuvo como objetivo encontrar nuevos objetivos para el tratamiento del cáncer gástrico basándose en los datos de secuenciación de genes del cáncer gástrico y tejidos adyacentes en la base de datos Cancer Genome Atlas (TCGA). Los datos del transcriptoma se extrajeron de la base de datos TCGA y se construyeron redes de interacción de proteínas utilizando la herramienta STRING. La correlación entre SHIP2 y las características clínico-patológicas y el pronóstico se evaluó mediante el trazador Kaplan-Meier y la base de datos GEPIA. El mecanismo potencial de SHIP2 se exploró mediante el enriquecimiento con GO y KEGG. El análisis de la base de datos TCGA mostró una sobreexpresión de SHIP2 en el grupo de cáncer gástrico. La expresión de SHIP2 en el cáncer gástrico se relacionó con respuestas clínicas como el proceso metabólico, la señalización, el movimiento, el proceso, la respuesta de estimulación y la regulación biológica. La curva de Kaplan-Meier obtenida del análisis de supervivencia de los primeros 10 genes clave mostró que el pronóstico de los pacientes con alta expresión de ARAP3 era malo. La reducción del nivel del gen ARAP3 afectó significativamente la supervivencia general ( $p < 0,05$ ) de los pacientes con cáncer gástrico. El área bajo la curva ROC fue de 0,769, el valor crítico fue de 5,277, la sensibilidad fue de 0,685 y la especificidad fue de 0,750. SHIP2 puede ser un marcador potencial prometedor para el diagnóstico y pronóstico en pacientes con cáncer gástrico. La terapia dirigida puede proporcionar una nueva estrategia para el tratamiento del cáncer gástrico.

**KEY WORDS:** bioinformatics, biomarkers, gastric cancer, The Cancer Genome Atlas

\* Author to whom correspondence should be addressed. E-mail: w13893841353@outlook.com