

Projekt

Titel:

**Einfluss von GSM-Signalen auf isolierte humane
periphere Lymphozyten**

**A. Bahr, C. Adami (IMST)
J. Borlak, R. Halter (Fh-ITEM)
R. Blasczyk (MHH)**

Projektbeschreibung

A. Isolierung menschlicher peripherer Lymphozyten

B. Behandlung mit GSM-Signalen

C. Nachweis verändert exprimierter Gene

1. Genexpressionsanalysen mittels Microarrays (Affymetrix)

2. Real-Time PCR von 20 ausgewählten Genen

D. Identifizierung verändert exprimierter Proteine mittels Western Blotting

1. Vorgabe: Hsp-27, Hsp-27-P; p38MAKP, Hsp-70, Hsp-21, C-jun und C-myc

2. weitere 10 Proteine, die aufgrund der Genexpressionsanalysen ausgewählt werden.



Übersicht über das Versuchsdesign

Humane periphere Lymphozyten des Blutes werden gepulsten GSM 1800-Signalen bei verschiedenen SAR-Werten (0 / 0.2 / 2 / 10 W/kg) und Dauer ausgesetzt (1 h und 48 h).

Behandlung W/kg	0	0,2	2	10	Dauer der Behandlung	Alter
Probanden (m/w)	10/10	10/10	10/10	10/10	1 h	> 50 Jahre < 60 Jahre
Probanden (m/w)	10/10	10/10	10/10	10/10	48 h	
Probanden (m/w)	10/10	10/10	10/10	10/10	1 h	> 14 Jahre < 18 Jahre
Probanden (m/w)	10/10	10/10	10/10	10/10	48 h	



Projektdurchführung

A. Isolierung menschlicher peripherer Lymphozyten

Kooperationspartner:

Prof. Dr. med. Rainer Blasczyk

Institut für Transfusionsmedizin

Medizinische Hochschule Hannover (MHH)

* Zustimmung der Ethikkommission

* Fragebogen (nur gesunde Probanden)



B. Behandlung mit GSM-Signalen

Kooperationspartner

Dr. A. Bahr, Dr. C. Adami

(IMST)

Projektdurchführung

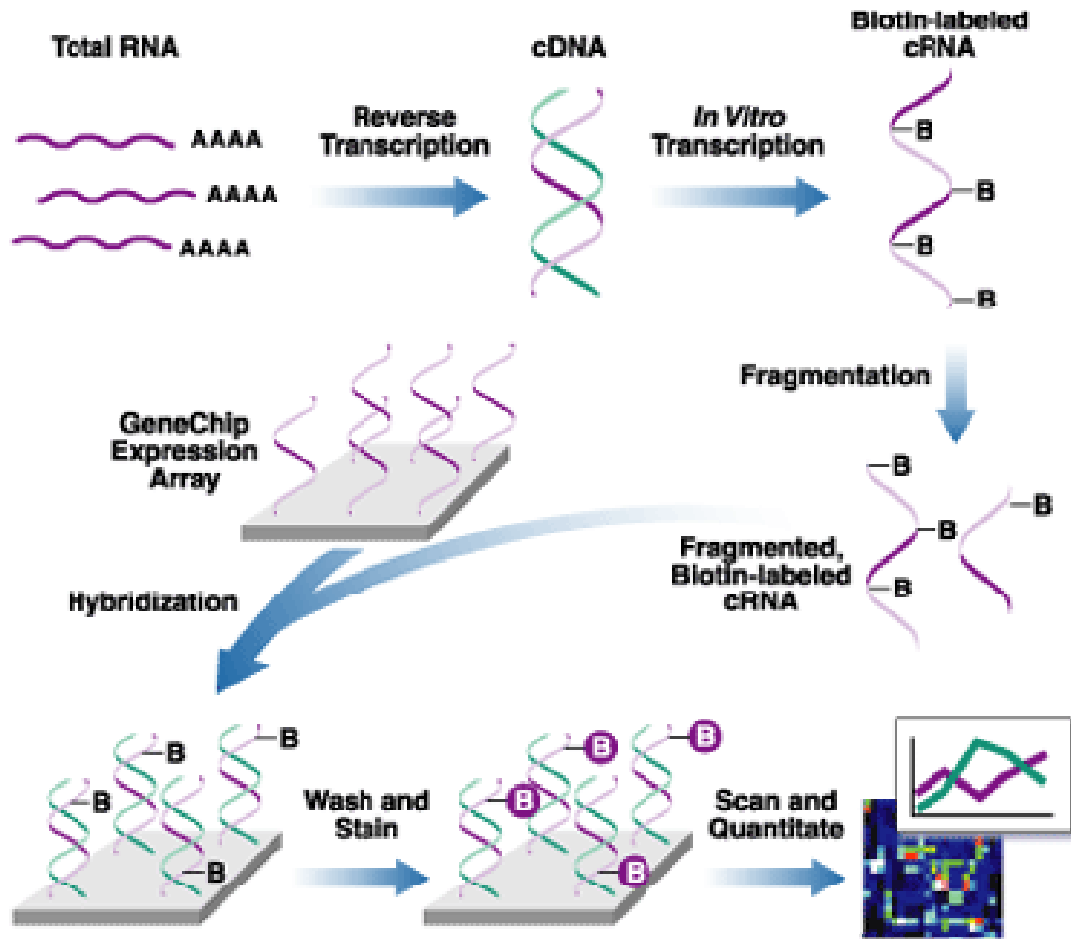
C. Nachweis verändert exprimierter Gene

1. Erstellung von Genexpressionsprofilen mittels Microarrays (Affymetrix Plattformtechnologie):

Genchip: Human Genome U133 Plus 2.0 Array

Expressionsprofil des gesamten menschlichen Genoms (>47.000 Transkripte und Transkriptvarianten)

Genexpressionsanalysen (Affymetrix)

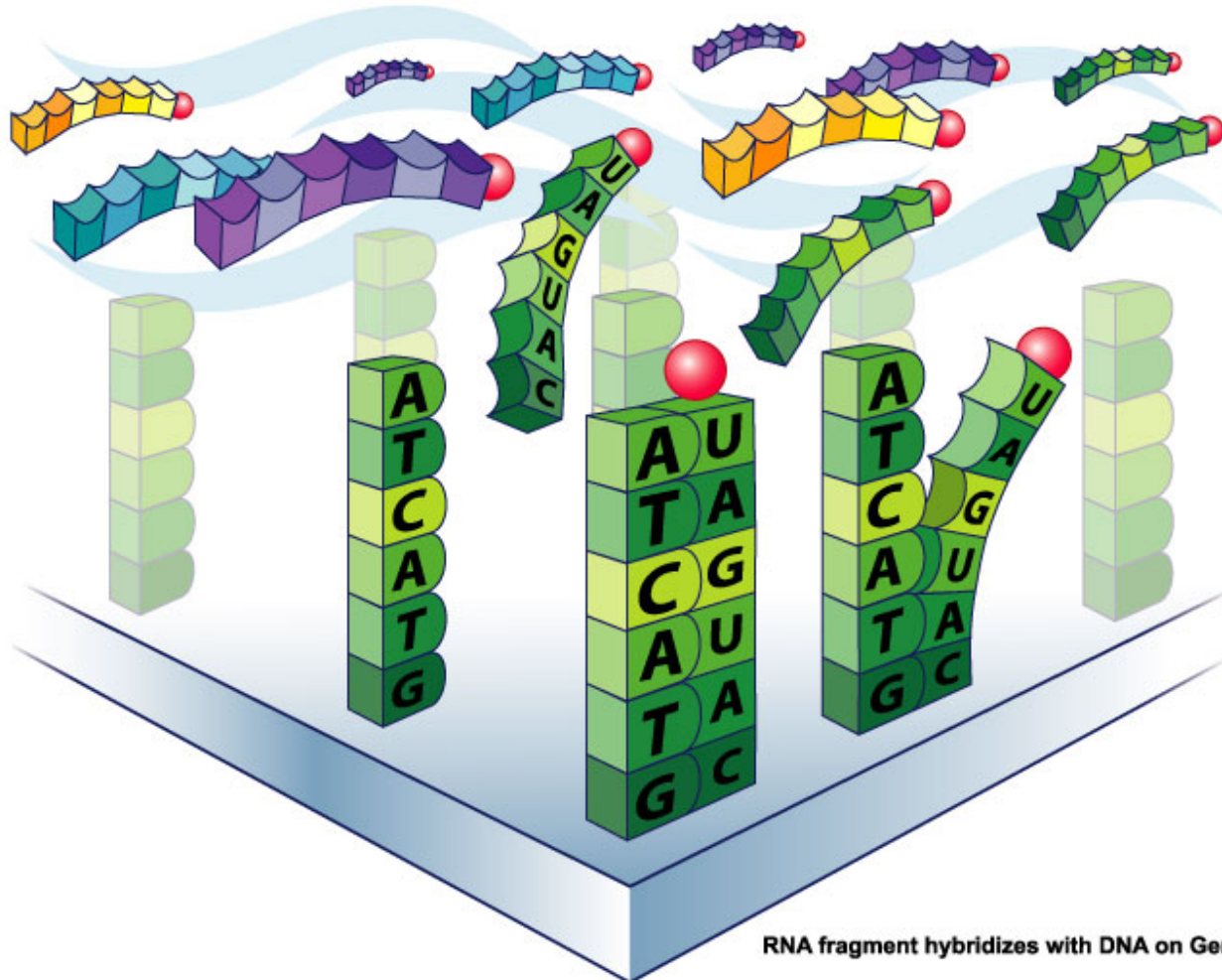


**GENECHIP ARRAY für
Genexpressionsanalysen**



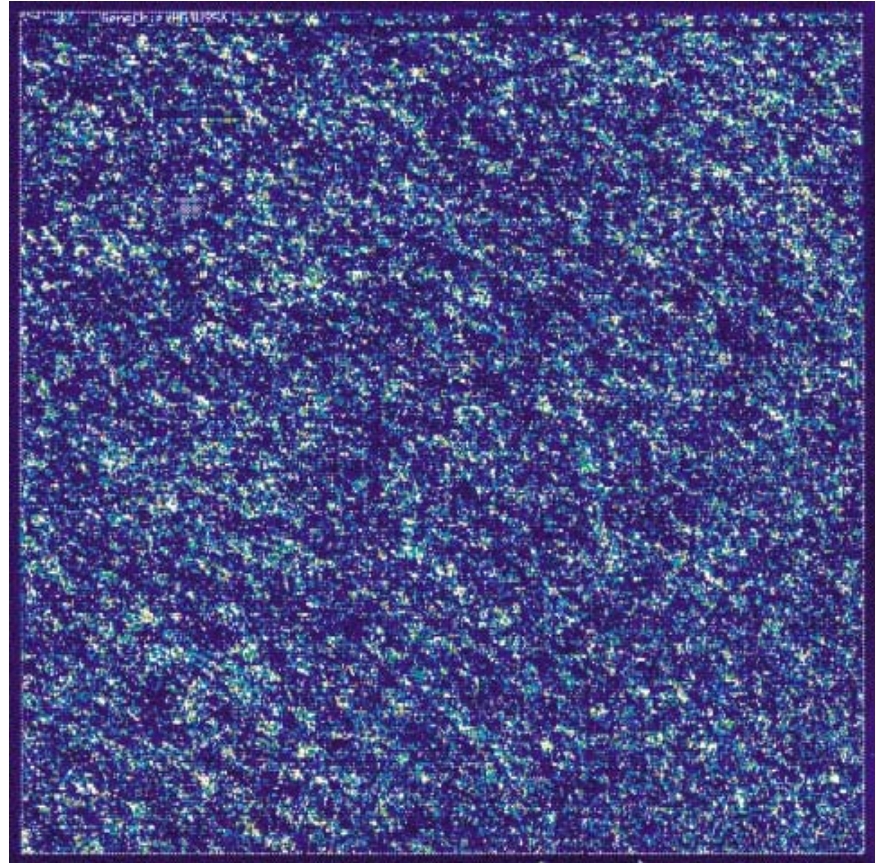
Genexpressionsanalysen (Affymetrix)

RNA fragments with fluorescent tags from sample to be tested



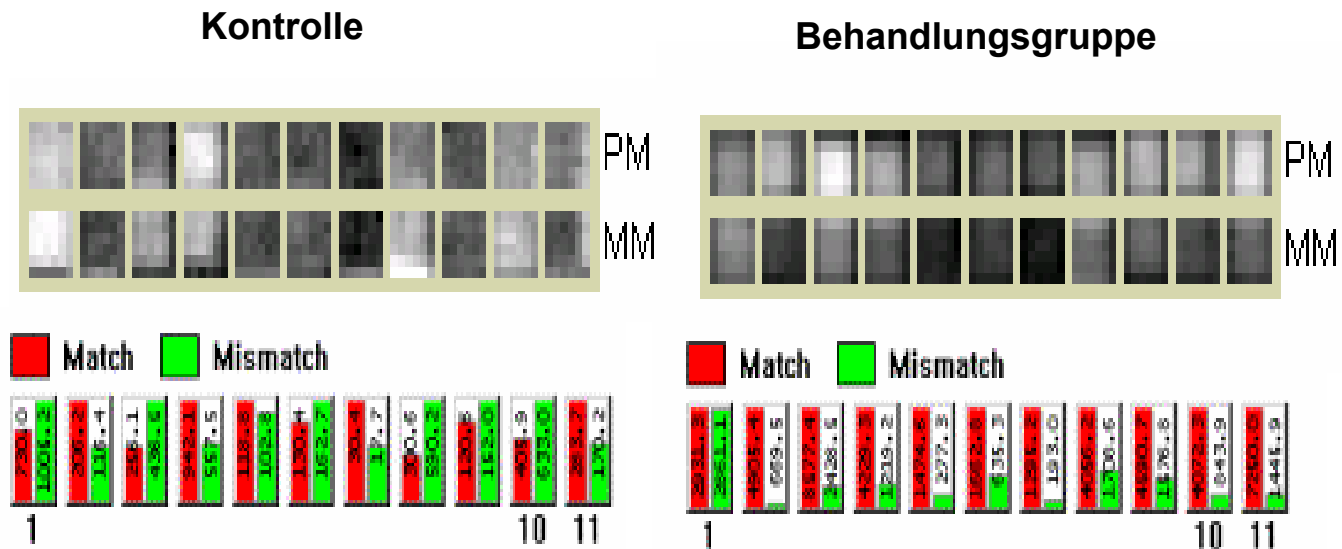
RNA fragment hybridizes with DNA on GeneChip

Genexpressionsanalysen (Affymetrix)



Genexpressionsanalysen (Affymetrix)

Statistische Analysen: Detection and Change Call (Cyp1a1)



Western Blots

C. Nachweis verändert exprimierter Gene

2. Echtzeit-qPCR von 20 Genen

Auswahl der Gene anhand der Microarray-Daten

Ziel: Überprüfung der Microarray-Daten



D. Identifizierung verändert exprimierter Proteine mittels Western Blotting

1. Hsp-27, Hsp-27-P; p38MAKP, Hsp-70, Hsp-21,
C-jun und C-Myc
(in der Literatur beschrieben)
2. weitere 10 Proteine, die aufgrund der
Genexpressionsanalysen ausgewählt werden



Biostatistik und Bioinformatik

1. Funktion der verändert regulierten Gene

2. Clusteranalysen (SOM)

Ziele:

Identifizierung von Netzwerken verändert regulierter Gene, die für die Abschätzung gesundheitlicher Risiken relevant sind.



Biostatistik und Bioinformatik

1. Funktionsanalyse verändert regulierter Gene

Informationsquellen:

z.B. Entrez PubMed

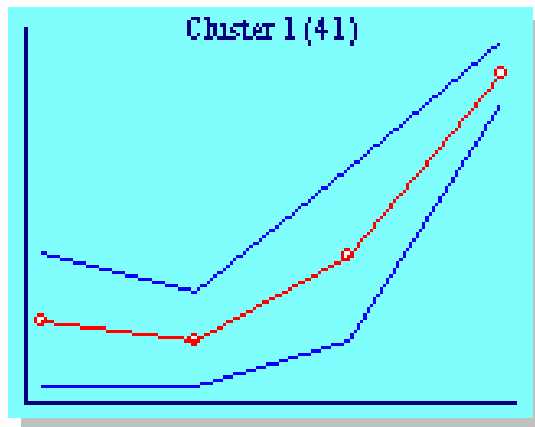
z.B. Datenbanken: <http://www.myc-cancer-gene.org/>



2. Clusteranalysen (SOM)

Beispiele für Dosis (Zeit, Alter) – abhängige Genregulation

induzierte Gene



reprimierte Gene

