

## **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

---

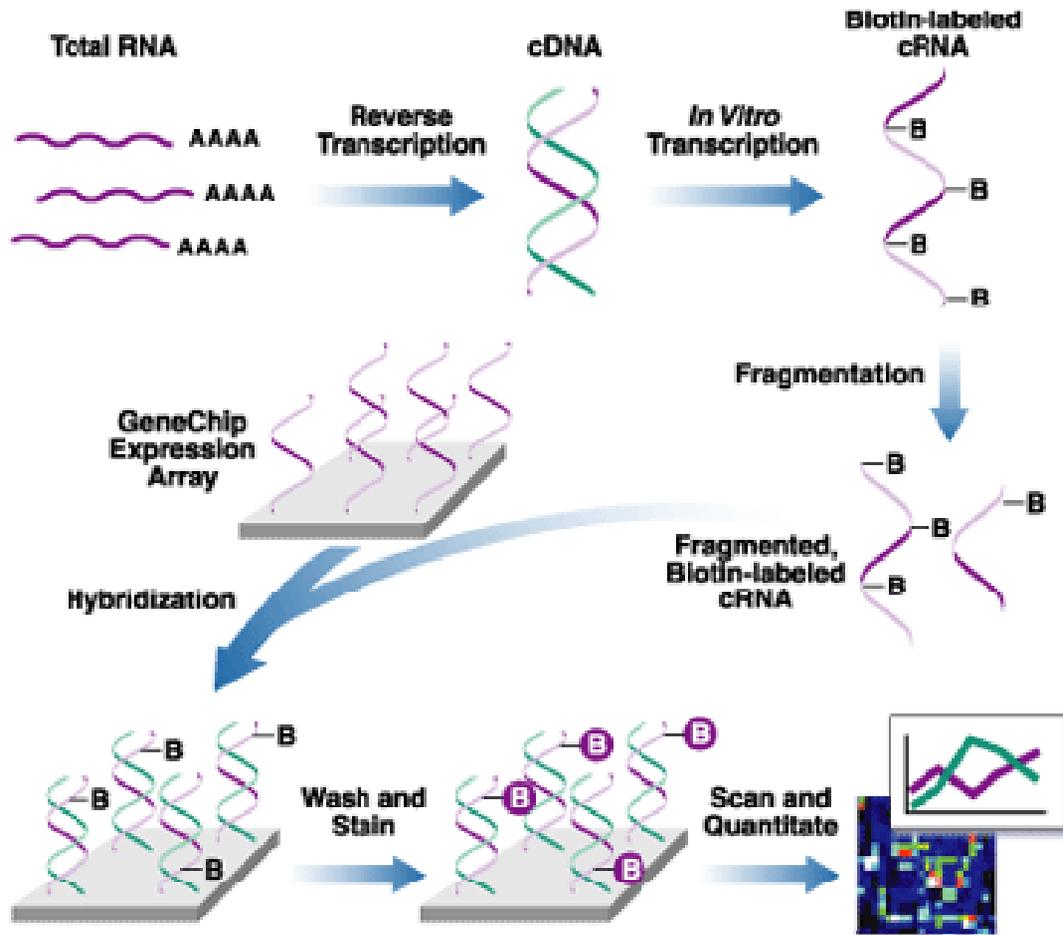
## C. Nachweis verändert exprimierter Gene

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)

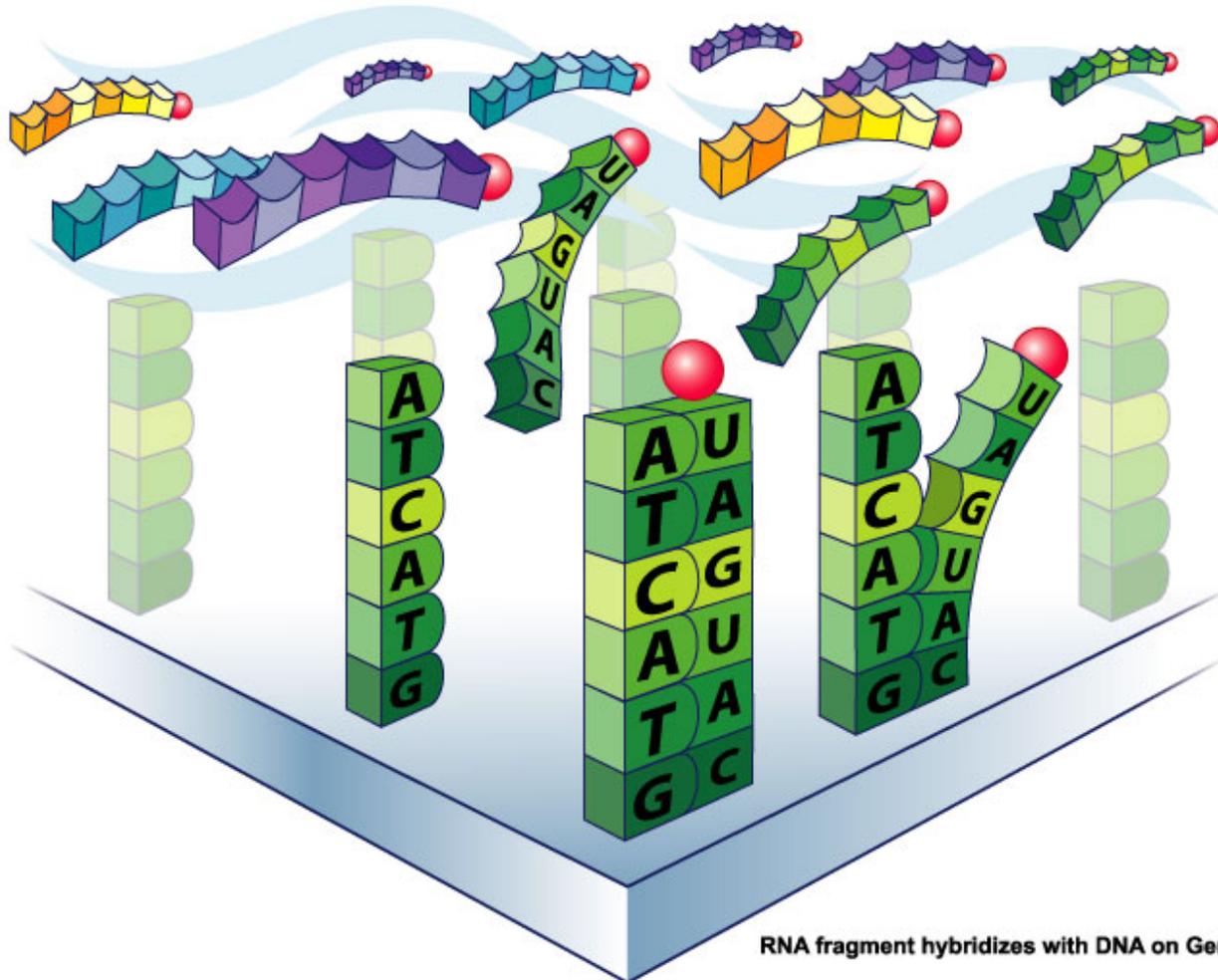


**GENECHIP ARRAY für  
Genexpressionsanalysen**

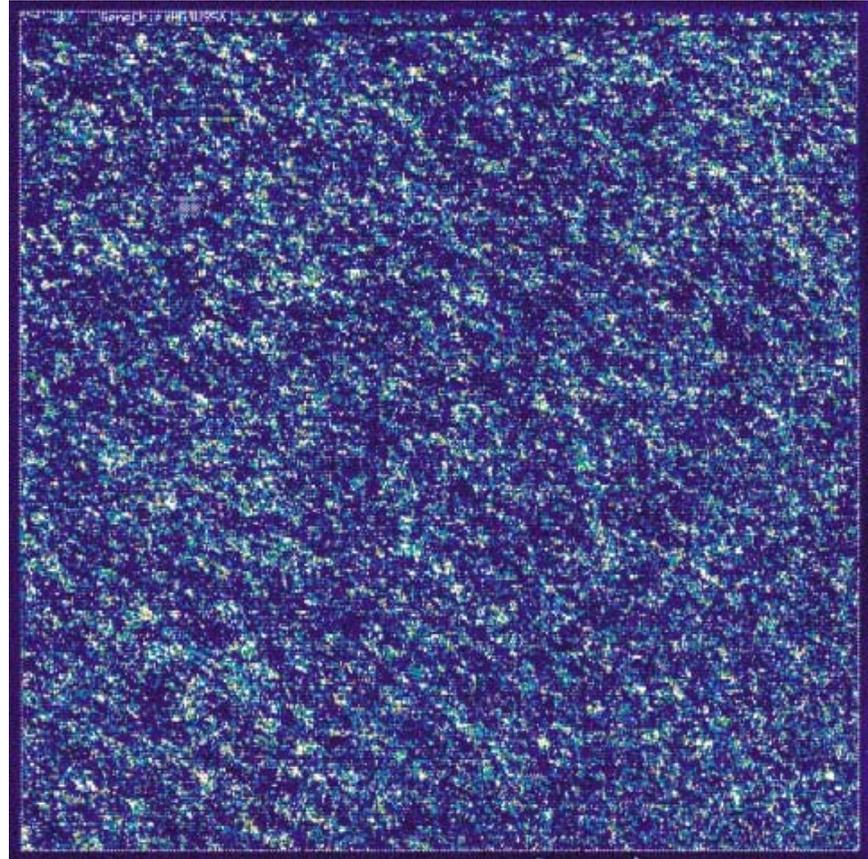


# Genexpressionsanalysen (Affymetrix)

RNA fragments with fluorescent tags from sample to be tested

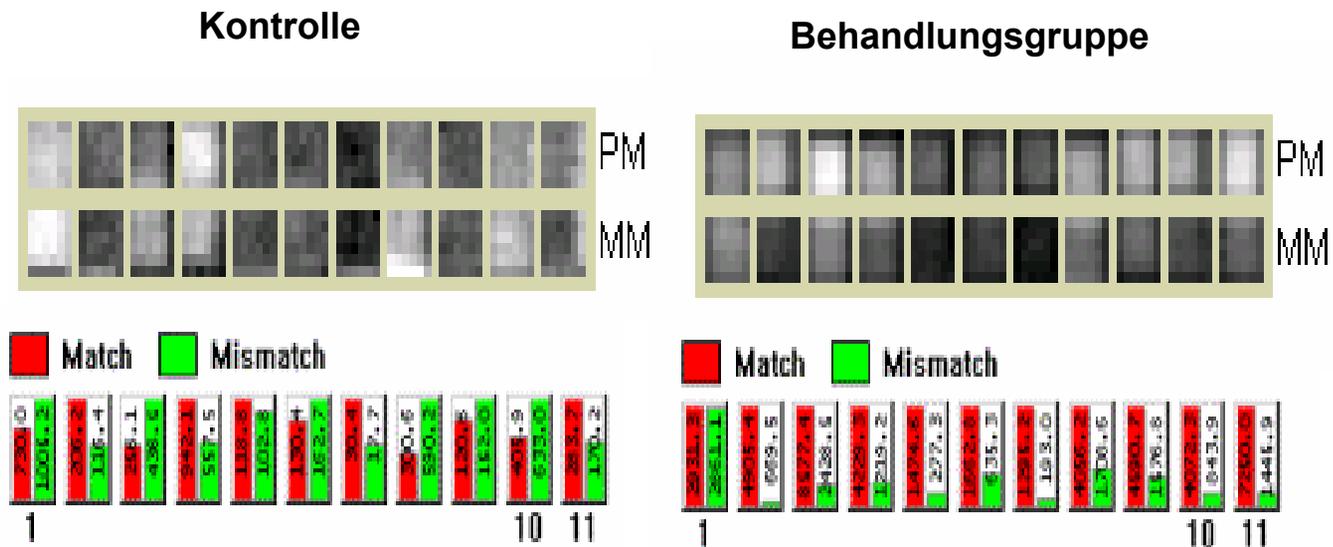


# Genexpressionsanalysen (Affymetrix)



# 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



## 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

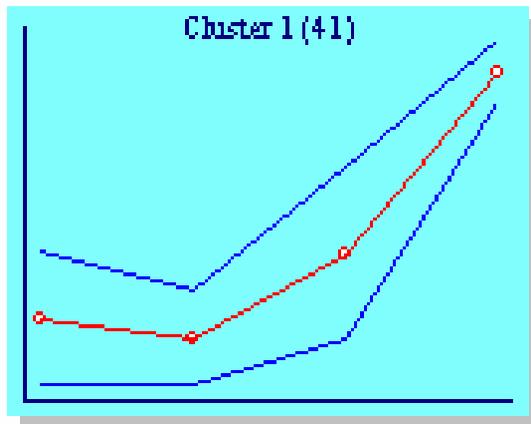
z.B. Datenbanken: <http://www.myc-cancer-gene.org/>



## 2. Clusteranalysen (SOM)

Beispiele für Dosis (Zeit, Alter) – abhängige Genregulation

induzierte Gene



reprimierte Gene

