

# Differenzielle Genexpressionsanalyse im pankreatischen Ischämie / Reperfusionsschaden mittels DNA-Chiptechnologie

S. Benz, M.Löbler, R. Obermaier, B. Kortmann, D. Koczan, H-J. Thiesen, F. Pfeffer, P.Michel, U.T. Hopt

Chirurgische Unikliniken Freiburg und Rostock, Institut für Immunologie Universität Rostock

## Hintergrund

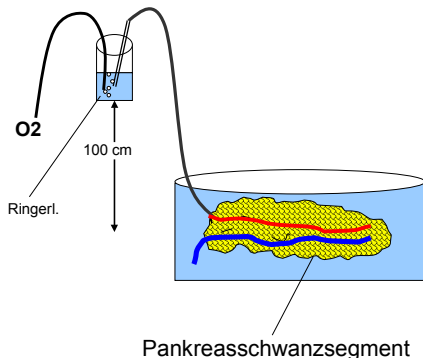
Untersuchung der Transplantatpankreatitis  
Die Entzündungsreaktion / Mikrozirkulationsstörung nach Reperfusion gilt als das entscheidende pathophysiologische Ereignis

## Fragen :

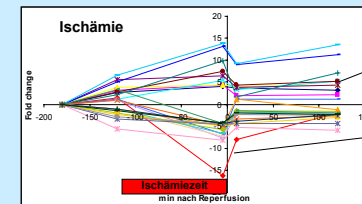
Welche Gene werden im pankreatische I/R-Schaden reguliert und sind an der überschießenden Entzündungsreaktion beteiligt.

Target-Gene für therapeutische Interventionen

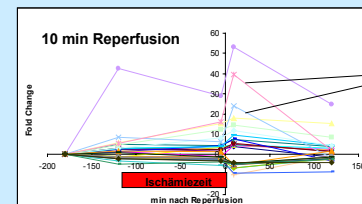
## Methoden



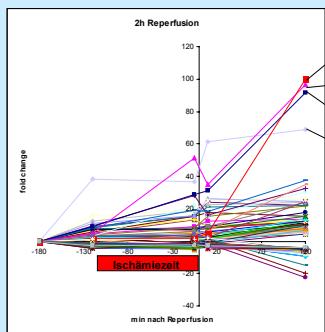
- Versuchsgruppen:  
Nach Laparotomie (n=5)  
Nach Präparation (n=5)  
Nach 2 h Ischämie (n=5)  
Nach 10 min Reperfusion (n=5)  
Nach 2h Reperfusion (n=5)
- RNA Extraktion  
Pooling  
cRNA-Synthese
- Hybridisierung auf Affymetrix (Ratte)  
U34A Microarray zur Analyse von 7000 Genen und 1000ESTs



- Hras-rev.107 Zellzyklus ↓
- Cyclin B1 Zellzyklus ↓
- Topoisomerase II Zellzyklus ↓
- Caldesmon Zellzyklus ↓
- MAP-Kinase p63 Zellzyklus ↓

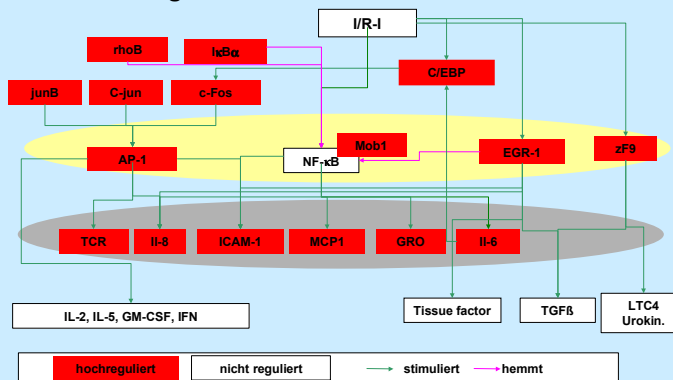


- IgG (10X) Antikörper
- CD74 MHC
- T-Cell Receptor

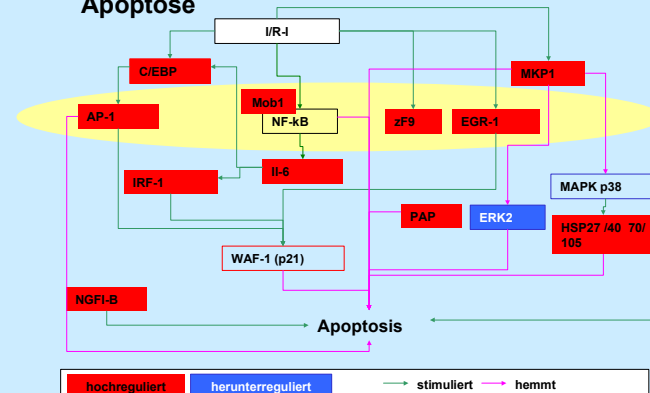


- HSP 70
- Metallothionein
- zF9
- EGR-1

## Entzündung



## Apoptose



## Schlussfolgerungen

Neben AP-1, NF-κB und EGR-1 könnte zF9 eine neues Target-Gen zur Verbesserung der inflammatorischen Reaktion im I/R-Schaden darstellen und sollte daher weiter untersucht werden.

Diese Untersuchungen sollten durch Microarraytechnologie gemonitort werden, um die Auswirkungen der Interventionen auf das komplexe Netzwerk Genexpressionsantwort zu erfassen.