

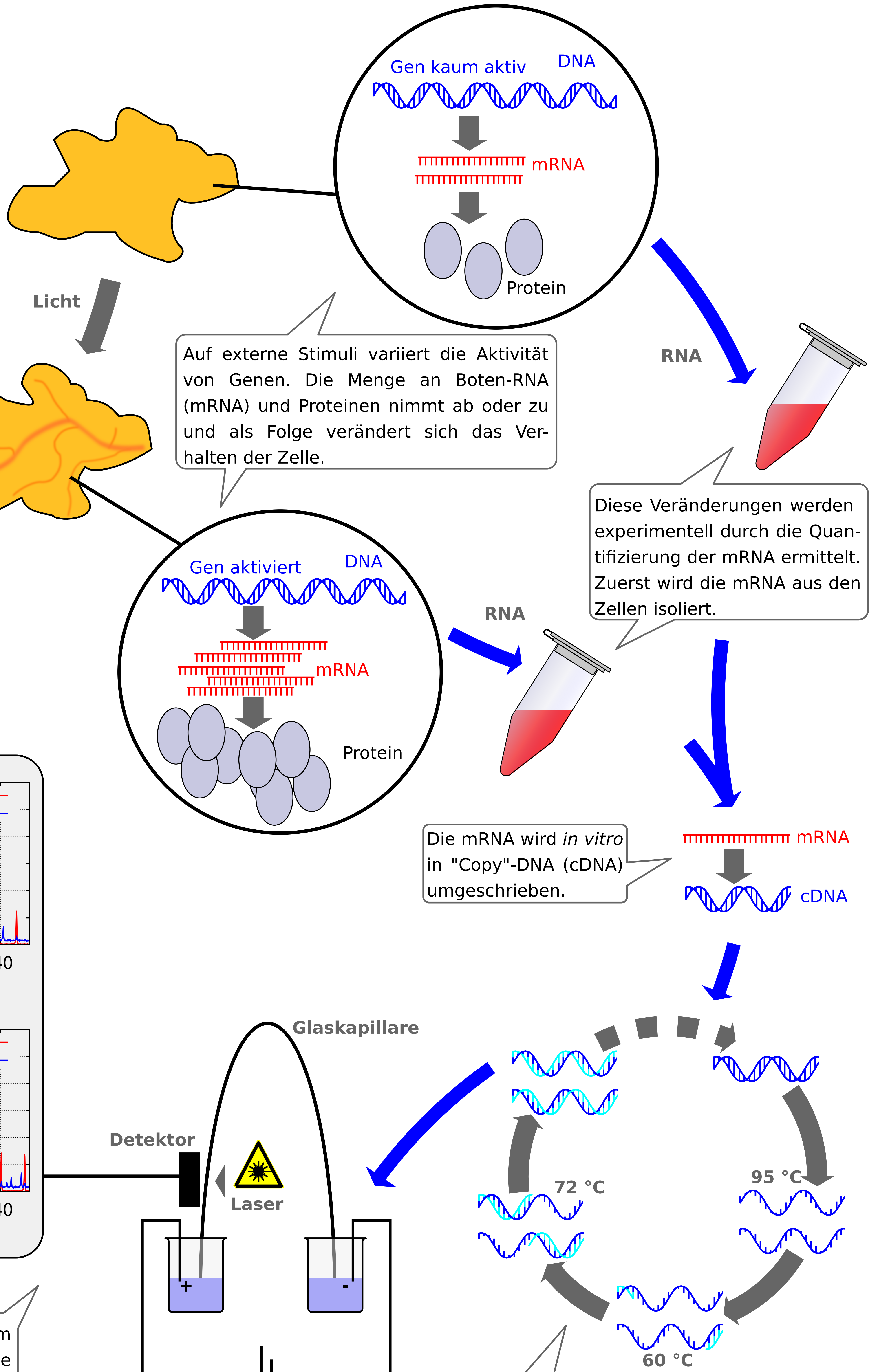


Genexpressionsanalysen zur Identifizierung des Regulationsnetzwerkes von Zelldifferenzierungsprozessen

Pauline Walter und Markus Haas

Otto-von-Guericke-Universität, Fakultät für Naturwissenschaften, Institut für Biologie, Regulationsbiologie

Eine biologische Fragestellungen von derzeit zentraler Bedeutung ist die Suche nach den Regulationsmechanismen, welche die Zelldifferenzierung steuern. In einem systembiologischen Ansatz untersuchen wir dies am Modell der Sporulation bei dem Einzeller *Physarum polycephalum* auf Einzelzellniveau.

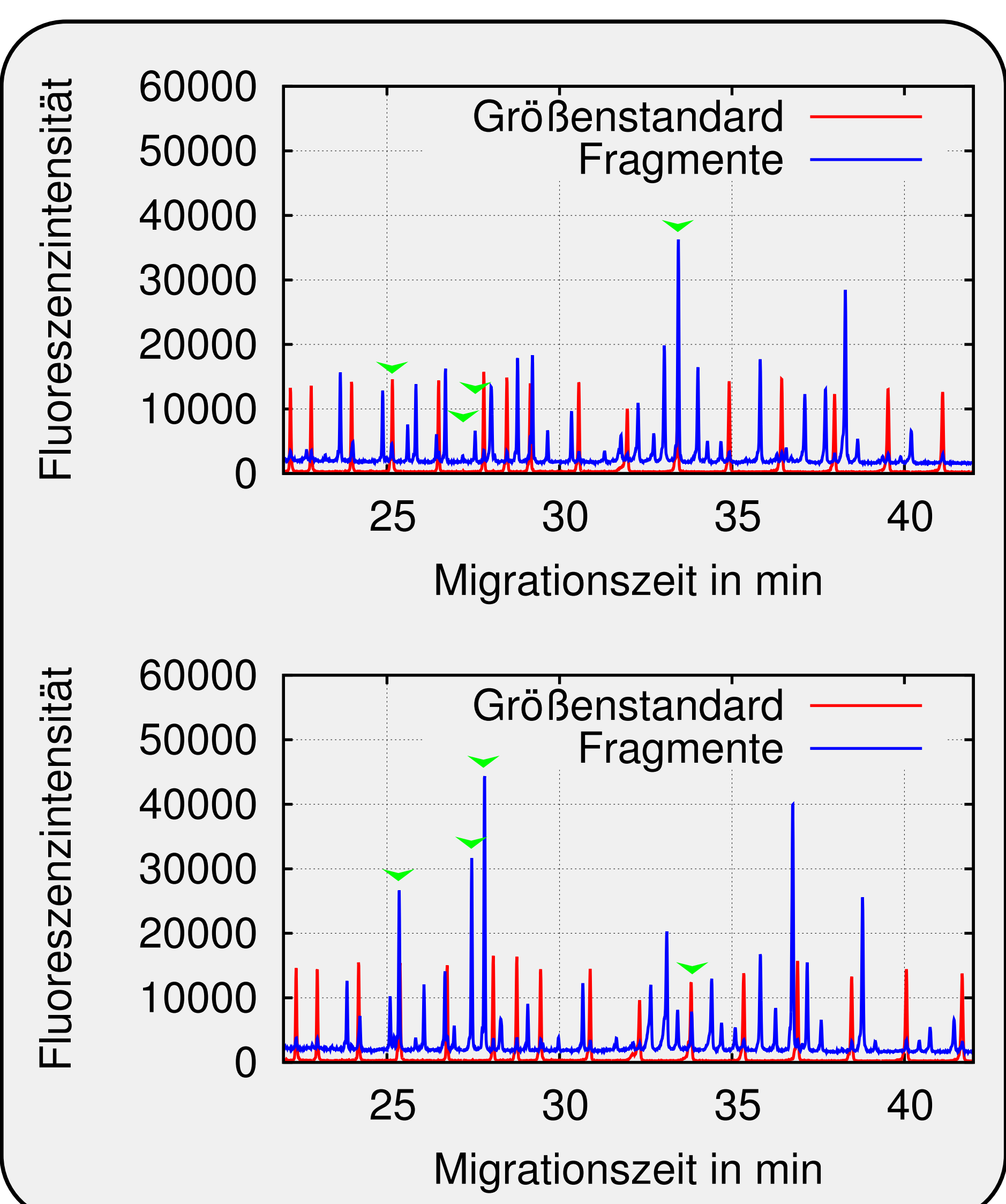


Auf externe Stimuli variiert die Aktivität von Genen. Die Menge an Boten-RNA (mRNA) und Proteinen nimmt ab oder zu und als Folge verändert sich das Verhalten der Zelle.

Diese Veränderungen werden experimentell durch die Quantifizierung der mRNA ermittelt. Zuerst wird die mRNA aus den Zellen isoliert.

Die mRNA wird *in vitro* in "Copy"-DNA (cDNA) umgeschrieben.

Die cDNA wird anschließend in einem zyklischen Prozess, der Polymerasen-Ketten-Reaktion (PCR), vervielfältigt. Nach 20 Zyklen hat sich die Anzahl der cDNA-Moleküle um etwa den Faktor 1 Million erhöht. Diese Menge ist groß genug, um gemessen werden zu können.



Die Moleküle werden nach Auftrennung im Hochspannungsfeld detektiert. Es können die Signale von über 30 Genen gleichzeitig analysiert werden. Die Zuordnung erfolgt über die spezifische Länge der Fragmente, aus der die Signalstärke lässt sich die Menge ausrechnen.

