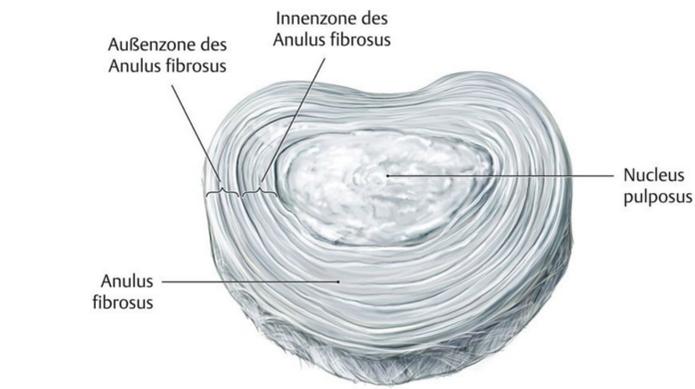
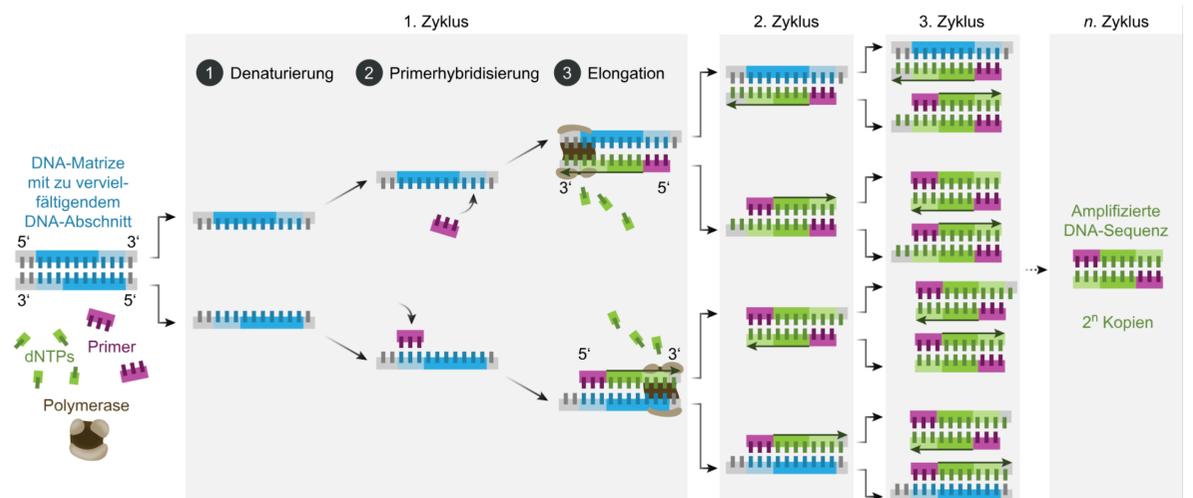


Bachelor-Thesis Medizintechnik

Etablierung von genetischen Markern im Bandscheibenmodell.



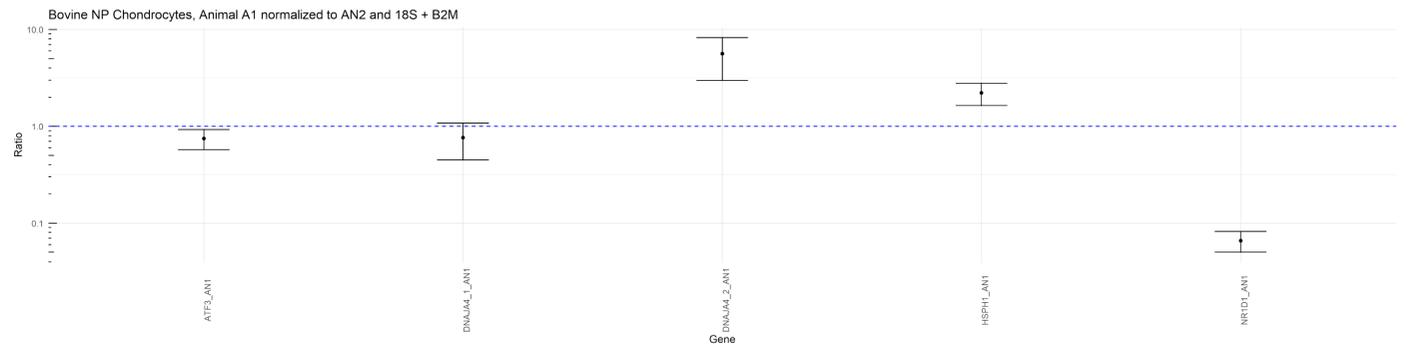
Anatomie der Bandscheibe, ohne knorpelige Endplatte (Thieme eRef, o. J.)



Schematische Darstellung der PCR (Wikimedia, 2020)



Gel nach Elektrophorese



Plot der Genexpressionen von Tier 1 im Vergleich zu Tier 2

Problemstellung

Rücken- und Nackenschmerzen sind ein Leiden, welches ca. 70 % aller Erwachsenen mindestens einmal im Leben betrifft. Diese Schmerzen werden häufig mit Bandscheibendegenerationen in Verbindung gebracht. Mangelndes Wissen über die zelluläre Zusammensetzung bei Erkrankungen ist ein Grund für das Fehlen von zufriedenstellenden Therapien.

Die Bandscheibe setzt sich aus einer knorpeligen Endplatte, dem Anulus fibrosus und dem Nucleus pulposus zusammen. In einer Vorstudie konnten 24 gewebespezifische Gene für den Anulus fibrosus und 27 gewebespezifische Gene für den Nucleus pulposus identifiziert werden. Um in Zukunft mit Hilfe der qPCR-Methode die Auswirkungen unterschiedlicher Belastungen auf die Zellpopulationen der Bandscheiben untersuchen zu können, sollten in dieser Arbeit Primer für fünf Gene des Nucleus pulposus etabliert werden. Diese Gene waren: HSPH1, DNAJA4, ATF3, NR1D1 und FOSB.

Lösungskonzept (Verdana 17 pt Bold)

Zu Beginn wurde eine Literaturrecherche durchgeführt, welche zeigen sollte, ob bereits Primer für die interessierenden Gene etabliert wurden. Falls bei gewissen Genen keine publizierten Primer gefunden werden konnten, wurden diese selbst erstellt. Zur Verifizierung und Überprüfung der Spezifität wurde eine qPCR mit anschließender Gelelektrophorese durchgeführt. Die Validierung erfolgte durch eine Verdünnungsreihe, welche die Effizienz der Primer aufzeigte.

Auf die Verifizierung und Validierung folgte eine Genexpressionsanalyse, bei welcher die Genexpressionen zweier unterschiedlicher Tiere untersucht wurden. Dafür wurde eine Analyse in R mit den zwei Referenzgenen 18S und B2M durchgeführt.

Ergebnisse

Für die Gene HSPH1, ATF3 und NR1D1 konnten erfolgreich Primer etabliert werden. Die Primer für das FOSB-Gen scheiterten bei der Verifizierung.

Für das Gen DNAJA4 wurden zwei Primer selbst erstellt. Diese zeigten sowohl bei der Validation als auch bei der Genexpressionsanalyse Unstimmigkeiten und müssen deshalb noch weiter getestet werden, bevor ein abschliessendes Urteil gefällt werden kann.

Diego Andreska

Betreuer:
Prof. Dr. Fabian Ille
Dr. Philipp Stämpfli

Kooperationspartner:
CC BME