

5. Zusammenfassung

Zu den essentiellen Funktionen von *Trypanosoma brucei* gehört die Anpassung der verschiedenen Lebensstadien an den jeweiligen Wirt. Die Identifikation von Genen, die für die im Menschen vorkommenden Blutbahnform spezifisch sind, ist für die Entwicklung neuer Wirkstoffe gegen die Trypanosomen-Infektion besonders interessant.

In dieser Arbeit sind Gene mit differentieller Expression in der Blutbahnform und in der prozyklischen Form von *T. brucei* durch Repräsentative Differenzanalyse und durch die Anwendung der Microarray-Technologie identifiziert worden.

Für die Microarray-Analyse ist ein Microarray aus 20.632 genomischen Fragmenten hergestellt worden. Für die Analyse der Hybridisierungsdaten wurden zunächst die Datenbearbeitung optimiert. Dazu wurde zuerst die Effizienz zweier verschiedener Verfahren für die Normalisierung der Hybridisierungsdaten, Mittelwert-Normalisierung und spotnadelspezifische LOWESS-Normalisierung, verglichen. Nach der Normalisierung wurde die Filterung der Daten durch den Vergleich der Effizienz von Signalintensität und Signal/Hintergrund als Kriterium für die Datenqualität optimiert. Die Akkuratheit und die Präzision der Microarray-Analyse unter Verwendung der optimierten Datenbearbeitungsmethoden wurde validiert.

Durch die Anwendung der RDA und der Microarray-Analyse konnten mehrere Gene mit stadienspezifischer Expression in der Blutbahnform und der prozyklischen Form identifiziert werden. Unter diesen Genen fanden sich Homologe zu den Oberflächenantigenen der beiden Formen (PARP und VSG) und mit der Expression der VSG-Gene assoziierte Gene (ESAGs). Neben Genen mit bereits bekannter differentieller Expression wurden außerdem zahlreiche neue Gene gefunden. Durch semiquantitative RT-PCR wurde die stadienspezifische Expression der gefundenen Sequenzen bestätigt.