

2 Ziel der Arbeit

Die Chiparray Technologie ermöglicht durch die simultane Genexpressionsanalyse mehrerer tausend Gene die Identifikation differenziell exprimierter Gene in unterschiedlichen Geweben. Mit dieser Methode könnten im Tumorgewebe potenzielle Onko- und Tumorsuppressorgene identifiziert werden, die zum Verständnis der molekularen Tumorbiologie beitragen und molekularbiologische Prognosemarker oder therapeutische Zielgene darstellen könnten.

Ziel dieser Arbeit ist es daher, mittels der Laser gestützten Mikrodissektion und der Chiparray Technologie:

1. differenziell exprimierte Gene und ESTs im kolorektalen Karzinomgewebe durch den Vergleich mit gesundem kolorektalen Gewebe zu identifizieren.
2. die identifizierten differenziell exprimierten Gene und ESTs der Tumorinvasionsfront mit denen der zentralen Tumorareale zu vergleichen.
3. zu überprüfen, ob sich die untersuchten Gewebeproben anhand ihres gesamten Expressionsprofils als Tumor- bzw. Normalgewebeprobe durch eine entsprechende Gruppenbildung in der Clusteranalyse identifizieren lassen.
4. zu überprüfen, ob sich die untersuchten Tumorgewebeproben anhand ihrer differenziellen Expressionsprofile entsprechend ihrer histopathologischen Charakteristika in der Clusteranalyse gruppieren:
 - a. T-Klassifikation
 - b. N-Klassifikation
 - c. M-Klassifikation
 - d. UICC-Stadien
5. zu überprüfen, ob sich die untersuchten Normalgewebeproben anhand ihrer differenziellen Expressionsprofile durch eine entsprechende Gruppenbildung in der Clusteranalyse als Gewebeprobe der entwicklungsgeschichtlich unterschiedlichen Darmabschnitte, proximal des Kolon descendens bzw. distal des Kolon transversum, identifizieren lassen.
6. zu überprüfen, ob sich die untersuchten Tumorgewebeproben anhand ihrer differenziellen Expressionsprofile durch eine entsprechende Gruppenbildung in der Clusteranalyse als Gewebeprobe der Tumorinvasionsfront bzw. zentraler Tumorareale identifizieren lassen.