

### 3. Ergebnisse

In der vorliegenden Arbeit wurden bei 31 Gewebeproben von Kolonkarzinompatienten die Expressionsmuster der MDR-assoziierten Gene und -Proteine mittels immunhistochemischen und molekulargenetischen Methoden untersucht und auf Korrelationen statistisch geprüft.

#### 3.1. Transkriptionsebene

Es kamen dabei auf Transkriptionsebene zwei unterschiedliche Methoden der Polymerase-Kettenreaktion zur Anwendung. Es wurde zum einen die konventionelle semiquantitative- und zum anderen die Real-Time RT-PCR mit dem Light Cycler verwendet.

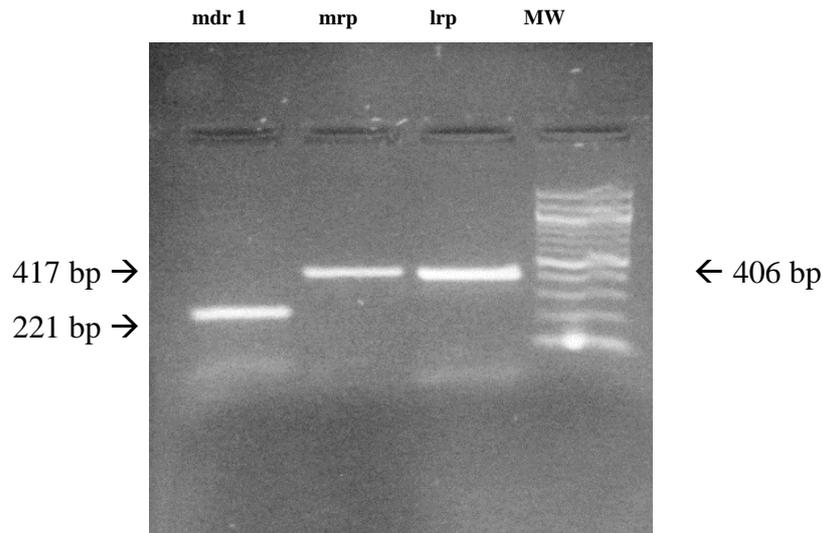
##### 3.1.1. Konventionelle PCR

Es wurden aus Gewebeproben von 31 Kolonkarzinompatienten die Multidrug Resistenz-assoziierten Gene *mdr1*, *mrp* und *lrp*, sowie als Vergleichstandard die Expression des Haushalts-Gens  $\beta$ 2-Mikroglobulin ( $\beta$ 2M) mittels konventioneller semiquantitativer Polymerase-Kettenreaktion untersucht.

Die PCR wurde mit abnehmenden Zykluszahlen, angefangen bei 35 Zyklen bis zur unteren Nachweisgrenze von Amplifikationsprodukten, durchgeführt.

Sowohl *mdr1*-, *mrp*-, als auch *lrp*-mRNA konnte bei allen 31 Patientenproben nach mindestens 37 Zyklen nachgewiesen werden.

Die jeweils niedrigste Zykluszahl, bei der in der Gelelektrophorese noch Amplifikate nachgewiesen werden konnten, wurde als Maß für die Expression des jeweiligen Gens herangezogen (siehe 6.2. und Abb.1).



**Abb. 1:** Agarosegelelektrophorese der PCR-Produkte.

Bahn 1: *mdr 1*, Bahn 2: *mrp*, Bahn 3: *lrp*, MW: Längenstandard

Zum Ausgleich unterschiedlicher cDNA-Qualitäten wurde jeweils der Quotient aus der Transkriptmenge des Haushalts-Gens und der des spezifischen Multidrug Resistenz-assoziierten Gens gebildet (siehe Tabelle 1).

Die Größe des Quotienten korreliert direkt mit der Menge an mRNA des jeweiligen Resistenzgens der untersuchten Probe.

Mittels dieses Quotienten aus der Expression des Haushalts-Gens und des jeweiligen Multidrug Resistenz-assoziierten Gens der untersuchten Proben wurden anschließend Korrelationsanalysen durchgeführt.

Es kam dabei sowohl der Spearman'sche Rang-Korrelationskoeffizient als auch der Pearson'sche Kontingenzkoeffizient zur Anwendung, und es wurde jeweils ein Punktdiagramm erstellt.

Tab. 1: Quotienten aus den für den gelelektrophoretischen Nachweis von Marker- und Haushalts-Gen Transkriptmengen (konventionelle PCR, Sensitivitätslimit) nötigen Zykluszahlen.

	<b><math>\beta</math>2M /lrp</b>	<b><math>\beta</math>2M /mrp</b>	<b><math>\beta</math>2M /mdr1</b>
<b>Pat. 1</b>	0,909	0,769	0,714
<b>Pat. 2</b>	0,625	0,714	0,769
<b>Pat. 3</b>	0,923	0,923	0,923
<b>Pat. 4</b>	0,714	0,769	0,833
<b>Pat. 5</b>	0,846	0,846	0,917
<b>Pat. 6</b>	0,909	0,769	0,833
<b>Pat. 7</b>	0,432	0,571	0,615
<b>Pat. 8</b>	0,818	0,600	0,692
<b>Pat. 9</b>	0,643	0,643	0,643
<b>Pat. 10</b>	0,750	0,514	0,643
<b>Pat. 11</b>	0,833	0,769	0,714
<b>Pat. 12</b>	0,857	0,923	0,857
<b>Pat. 13</b>	0,727	0,571	0,500
<b>Pat. 14</b>	0,900	0,514	0,643
<b>Pat. 15</b>	0,909	0,769	0,769
<b>Pat. 16</b>	0,643	0,514	0,563
<b>Pat. 17</b>	0,800	0,727	0,615
<b>Pat. 18</b>	0,846	0,846	0,917
<b>Pat. 19</b>	0,900	0,643	0,486
<b>Pat. 20</b>	0,486	0,643	0,818
<b>Pat. 21</b>	0,571	0,667	0,667
<b>Pat. 22</b>	0,563	0,643	0,600
<b>Pat. 23</b>	0,643	0,643	0,643
<b>Pat. 24</b>	0,733	0,733	0,595
<b>Pat. 25</b>	0,750	0,563	0,643
<b>Pat. 26</b>	0,833	0,625	0,769
<b>Pat. 27</b>	0,800	0,727	0,727
<b>Pat. 28</b>	0,857	0,649	1,000
<b>Pat. 29</b>	0,800	0,727	0,667
<b>Pat. 30</b>	0,818	0,692	0,750
<b>Pat. 31</b>	0,571	0,727	0,615

3.1.1.1. Untersuchung der Korrelation von *lrp* und *mrp* $\beta 2M / lrp$  -  $\beta 2M / mrp$ 

	<b>Pearson</b>	<b>Spearman</b>
<b>Korr.</b>	0,401	0,449
<b>Sig. (2-tailed)</b>	0,025	0,011
<b>N</b>	31	31

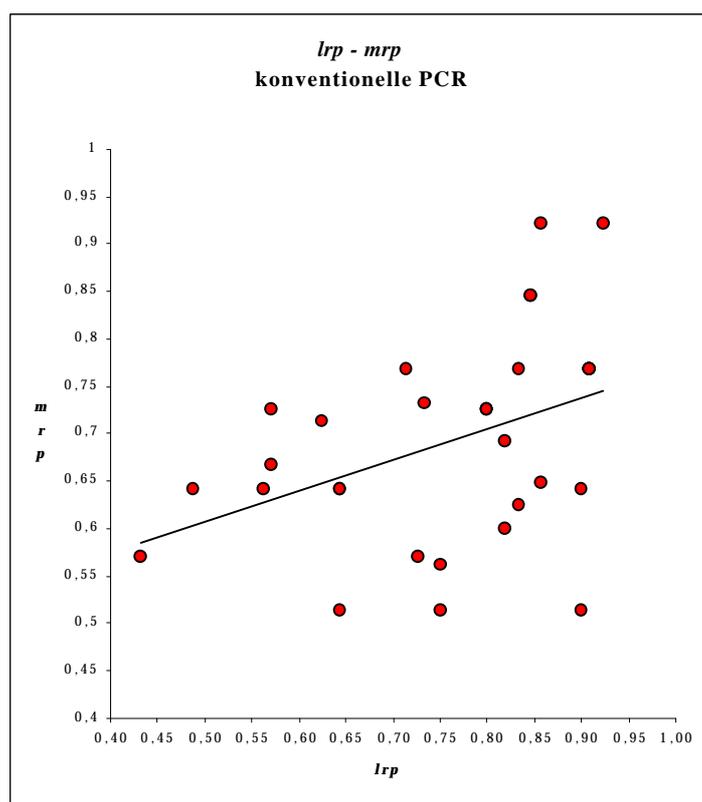


Abb.2: Korrelationsanalyse der von cDNA generierten PCR-Produkte (konventionelle PCR) von *lrp* und *mrp*.

Sowohl der Spearmansche Rang-Korrelationskoeffizient, als auch der empfindlichere Pearson'sche Kontingenzkoeffizient ergab eine schwache positive Korrelation für *lrp* und *mrp*, die auch im Punktdiagramm erkennbar ist.

3.1.1.2. Untersuchung der Korrelation von *mrp* und *mdr1* $\beta 2M / mrp - \beta 2M / mdr1$ 

	<b>Pearson</b>	<b>Spearman</b>
<b>Korr.</b>	0,622	0,606
<b>Sig. (2-tailed)</b>	0,000	0,000
<b>N</b>	31	31

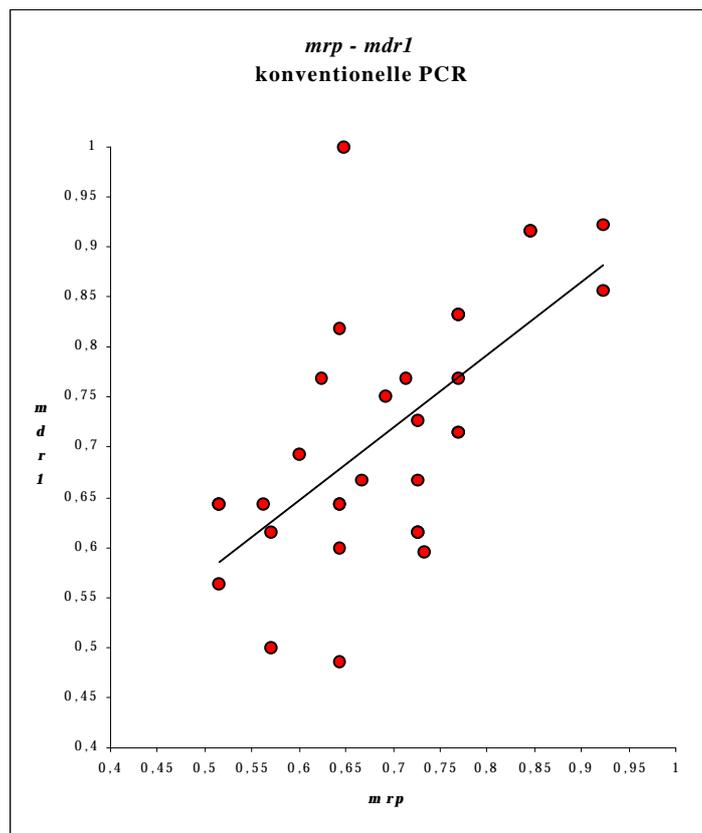


Abb.3: Korrelationsanalyse der von cDNA generierten PCR-Produkte (konventionelle PCR) von *mrp* und *mdr1*.

Für *mrp* und *mdr1* zeigte sich in beiden statistischen Auswertungen eine eindeutig positive Korrelation, die durch die graphische Darstellung bestätigt wird.

3.1.1.3. Untersuchung der Korrelation von *lrp* und *mdr1* $\beta 2M / lrp$  -  $\beta 2M / mdr1$ 

	<b>Pearson</b>	<b>Spearman</b>
<b>Korr.</b>	0,354	0,464
<b>Sig. (2-tailed)</b>	0,051	0,009
<b>N</b>	31	31

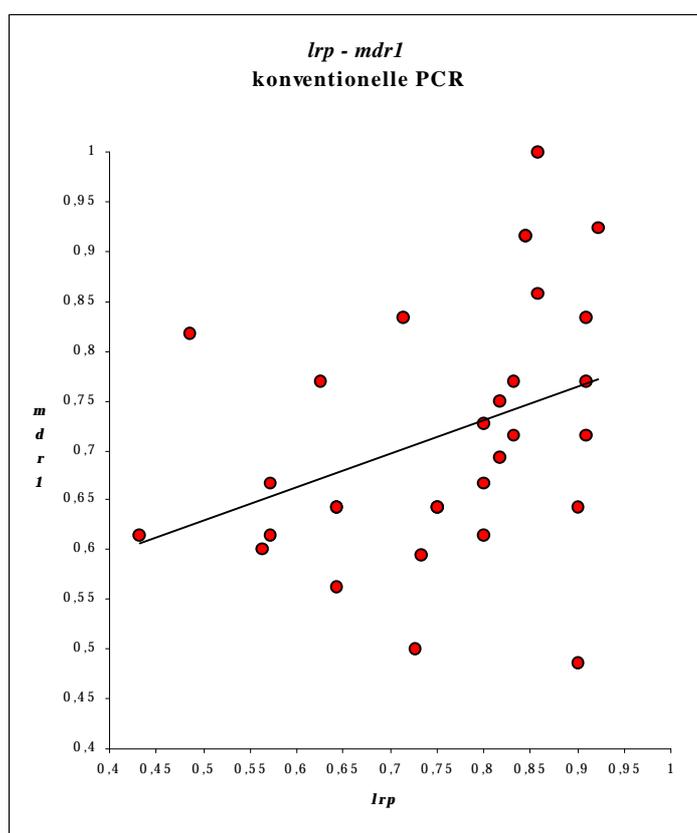


Abb.4: Korrelationsanalyse der von cDNA generierten PCR-Produkte (konventionelle PCR) von *lrp* und *mdr1*.

Für *lrp* und *mdr1* ergab sich nur bei Spearman eine eindeutig positive Korrelation, die im Pearson-Korrelationstest, der gegen Ausreißer empfindlicher ist, nicht zum Ausdruck kam. Im Punktdiagramm lässt sich ebenfalls eine Korrelation erkennen.

### 3.1.2. Light Cycler

Die mittels konventioneller PCR untersuchten 31 Kolonkarzinompatienten wurden auch mit dem Light Cycler auf die Expressionsstärken der Multidrug Resistenz-assoziierten Gene *mdr1*, *mrp* und *lrp* und des Haushalts-Gens  $\beta$ 2-Microglobulin ( $\beta$ 2M) untersucht.

Bei zwei der untersuchten Proben (Pat. 5 und 11) konnten keine *lrp* und *mdr1* Transkripte nachgewiesen werden und eine Probe (Pat. 28) war für alle drei Resistenzgene negativ.

Zur graphischen Darstellung wurden jeweils die crossing points versus Fluoreszenzintensität (SYBR Green) aufgetragen (siehe folgende Seiten Abb. 5-7).

Die crossing points entsprechen der Zykluszahl, bei der die exponentielle Phase der PCR der jeweiligen Probe beginnt, die wiederum von der Anfangskonzentration der zu amplifizierenden cDNA-Sequenz abhängig ist. Sie wurden daher zur Quantifizierung von *lrp*, *mrp* und *mdr1* Transkripten herangezogen (siehe 6.3.).

Im Anschluss an die letzte Elongationsphase der PCR wurde jeweils eine Schmelzkurvenanalyse zur Identifizierung des spezifischen Produktes durchgeführt (siehe 6.4.).

Die mit Hilfe des Light Cycler Systems ermittelten crossing points (CP) wurden anschließend zur Bildung des Quotienten aus CP Haushalts-Gen Transkript und des CPs des jeweiligen spezifischen Multidrug Resistenz-assoziierten Transkripts herangezogen (siehe Tabelle 2).

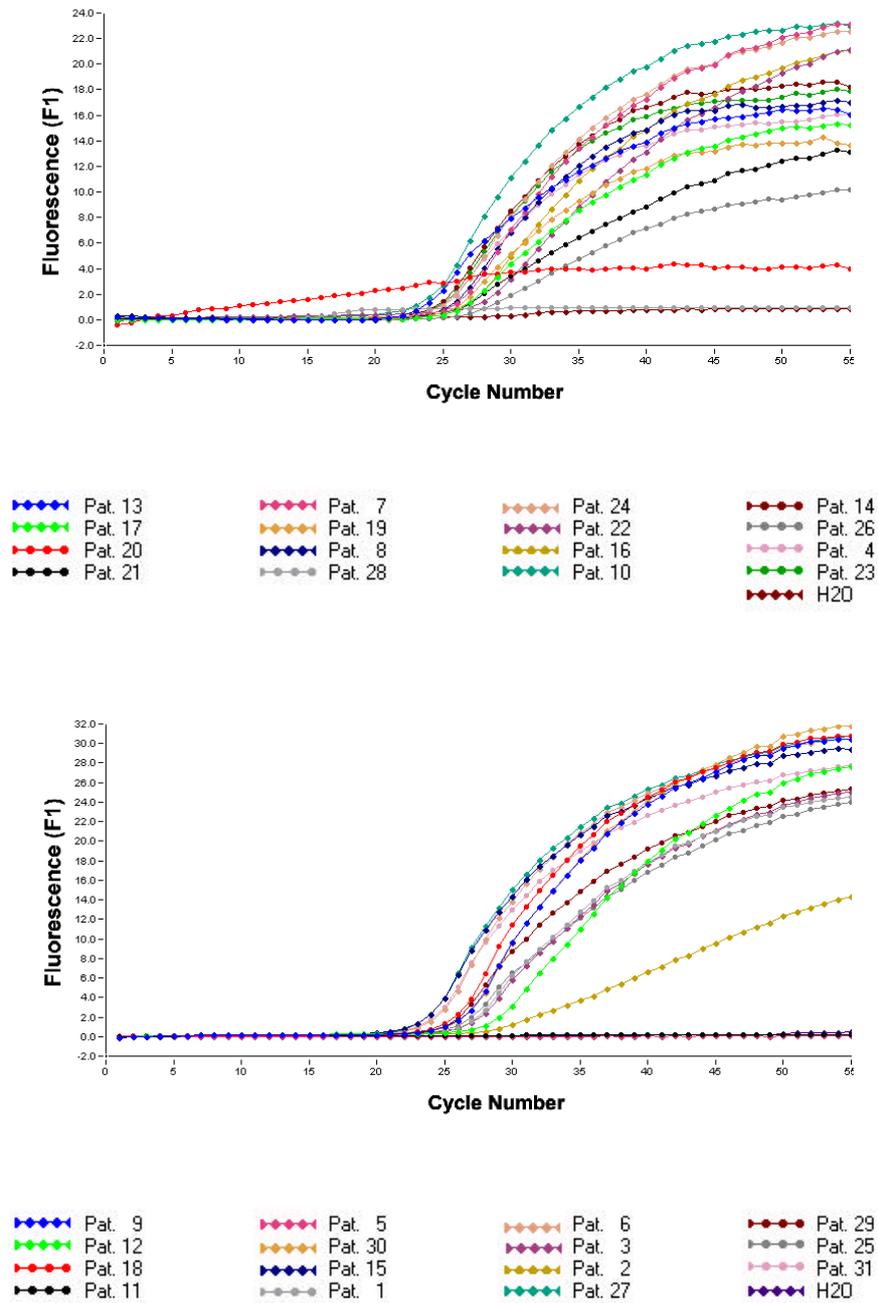


Abb.5: Kolonkarzinome, die mittels Light Cycler PCR quantitativ auf *mdr1* Transkripte untersucht wurden.

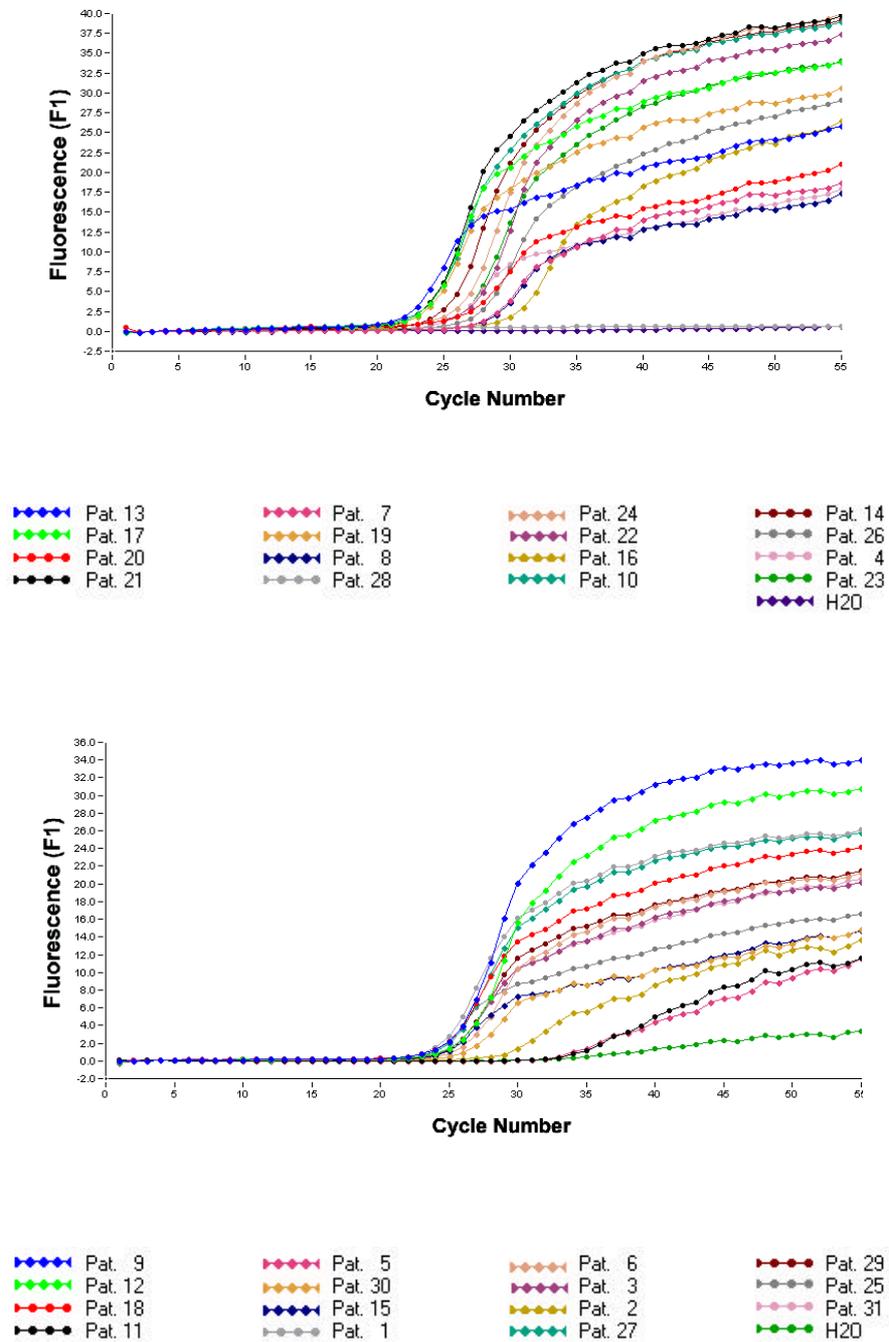


Abb.6: Kolonkarzinome, die mittels Light Cycler PCR quantitativ auf *mrp* Transkripte untersucht wurden.

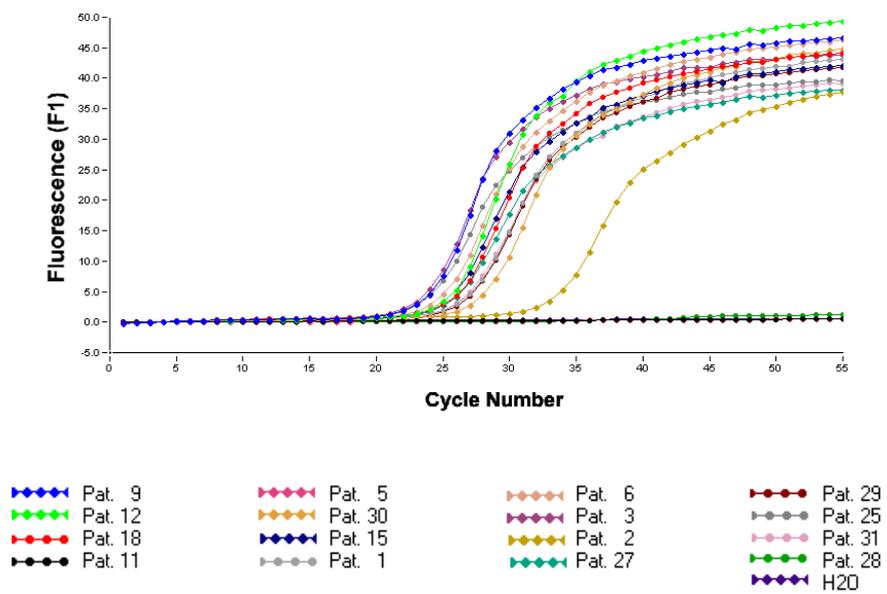
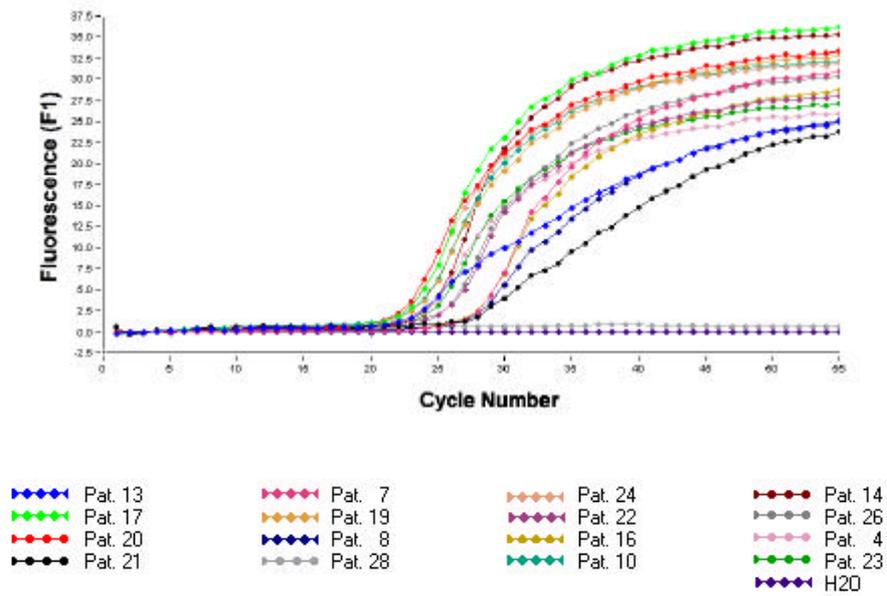


Abb.7: Kolonkarzime, die mittels Light Cycler PCR quantitativ auf *lrp* Transkripte untersucht wurden.

Tab. 2: Quotienten aus crossing points der nachgewiesenen Marker und Haushalts-Gen ( $\beta$ 2M) Transkripten.

	$\beta$ 2M / <i>lrp</i>	$\beta$ 2M / <i>mrp</i>	$\beta$ 2M / <i>mdr1</i>
<b>Pat. 1</b>	0,571	0,636	0,586
<b>Pat. 2</b>	0,573	0,678	0,679
<b>Pat. 3</b>	0,694	0,659	0,615
<b>Pat. 4</b>	0,744	0,694	0,714
<b>Pat. 5</b>	-	1,013	-
<b>Pat. 6</b>	0,665	0,644	0,690
<b>Pat. 7</b>	0,642	0,646	0,688
<b>Pat. 8</b>	0,681	0,663	0,738
<b>Pat. 9</b>	0,656	0,624	0,606
<b>Pat. 10</b>	0,622	0,611	0,609
<b>Pat. 11</b>	-	0,993	-
<b>Pat. 12</b>	0,673	0,663	0,612
<b>Pat. 13</b>	0,666	0,672	0,643
<b>Pat. 14</b>	0,716	0,693	0,713
<b>Pat. 15</b>	0,636	0,681	0,693
<b>Pat. 16</b>	0,711	0,650	0,739
<b>Pat. 17</b>	0,656	0,645	0,590
<b>Pat. 18</b>	0,717	0,766	0,737
<b>Pat. 19</b>	0,669	0,664	0,614
<b>Pat. 20</b>	0,886	0,740	0,420
<b>Pat. 21</b>	0,602	0,698	0,654
<b>Pat. 22</b>	0,662	0,621	0,612
<b>Pat. 23</b>	0,694	0,637	0,683
<b>Pat. 24</b>	0,761	0,655	0,684
<b>Pat. 25</b>	0,721	0,738	0,672
<b>Pat. 26</b>	0,732	0,676	0,700
<b>Pat. 27</b>	0,572	0,597	0,631
<b>Pat. 28</b>	-	-	-
<b>Pat. 29</b>	0,581	0,626	0,624
<b>Pat. 30</b>	0,620	0,691	0,665
<b>Pat. 31</b>	0,592	0,635	0,663

Mittels dieses ermittelten Quotienten wurden anschließend Korrelationsanalysen der Expressionsstärken der spezifischen Multidrug Resistenz-asoziierten Gene mit den Tests nach Spearman und Pearson durchgeführt und es wurde jeweils ein Punktdiagramm erstellt.

3.1.2.1. Untersuchung der Korrelation von *lrp* und *mrp* (Light Cycler PCR) $\beta 2M / lrp$  -  $\beta 2M / mrp$ 

	<b>Pearson</b>	<b>Spearman</b>
<b>Korr.</b>	0,555	0,505
<b>Sig. (2-tailed)</b>	0,002	0,006
<b>N</b>	28	28

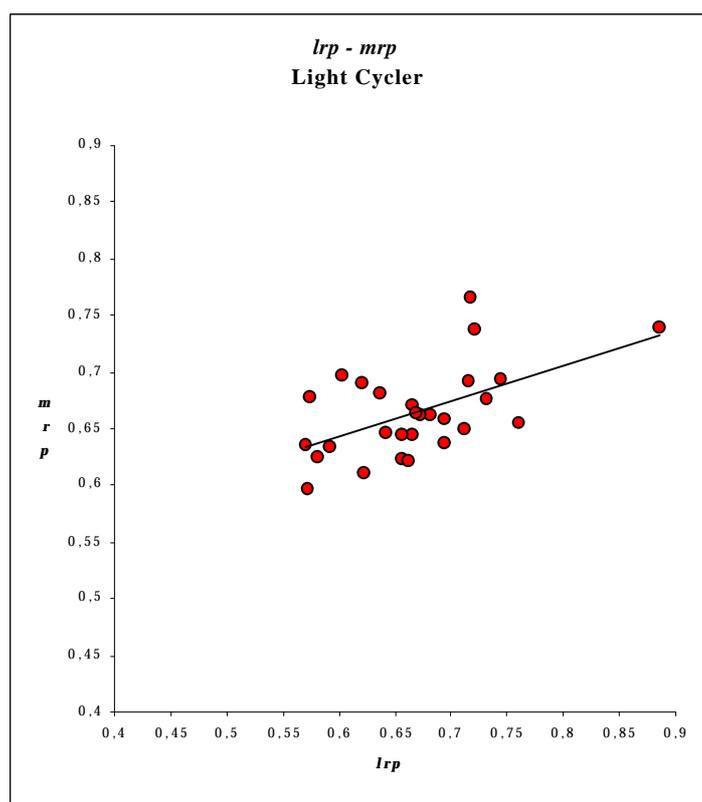


Abb. 8: Korrelationsanalyse der Expressionsstärken von *lrp* und *mrp* nach quantitativer Light Cycler PCR.

Die Expression der Multidrug Resistenz-assoziierten Gene *lrp* und *mrp* korrelierten. Sowohl nach Spearman als auch nach Pearson ergab sich eine eindeutig positive Korrelation, die auch im Punktdiagramm zu sehen ist.

3.1.2.2. Untersuchung der Korrelation von *mrp* und *mdr1* (Light Cycler) $\beta 2M / mrp$  -  $\beta 2M / mdr1$ 

	<b>Pearson</b>	<b>Spearman</b>
<b>Korr.</b>	0,079	0,391
<b>Sig. (2-tailed)</b>	0,689	0,040
<b>N</b>	28	28

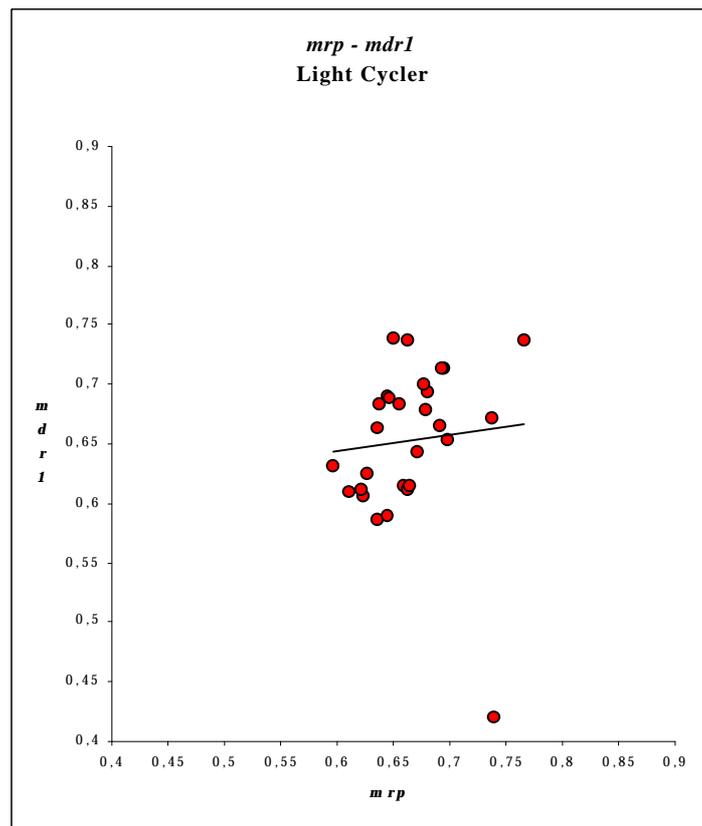


Abb. 9: Korrelationsanalyse der Expressionsstärken von *mrp* und *mdr1* nach quantitativer Light Cycler PCR.

Die Multidrug Resistenz-assoziierten Gene *mrp* und *mdr1* zeigten nach Spearman eine schwach positive Korrelation, die mit dem Pearson'schen Korrelationskoeffizienten nicht nachzuweisen war. In der graphischen Darstellung lässt sich der Trend einer Korrelation erkennen.

3.1.2.3. Untersuchung der Korrelation von *lrp* und *mdr1* (Light Cycler) $\beta 2M / lrp$  -  $\beta 2M / mdr1$ 

	<b>Pearson</b>	<b>Spearman</b>
<b>Korr.</b>	-0,160	0,367
<b>Sig. (2-tailed)</b>	0,415	0,055
<b>N</b>	28	28

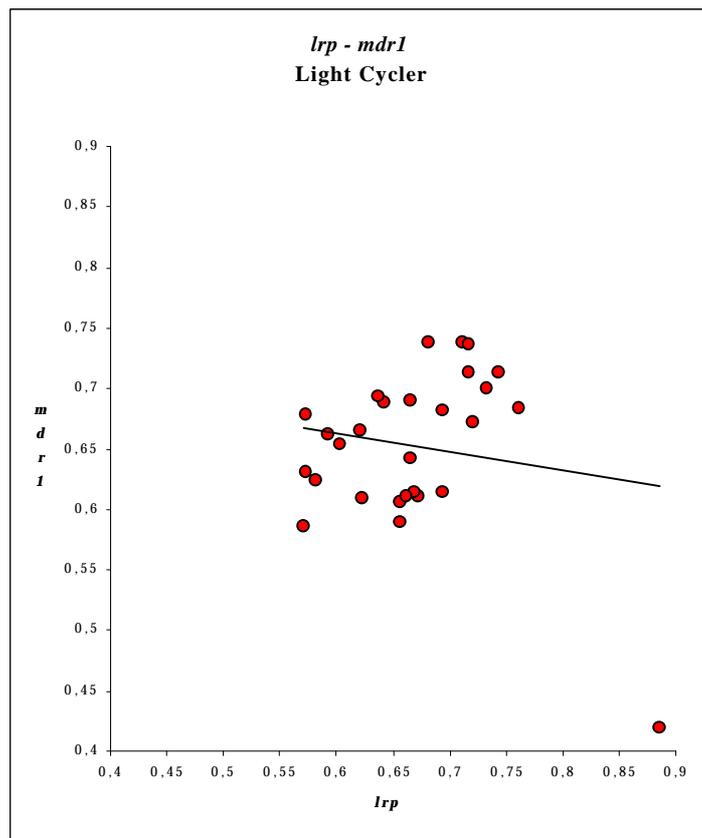


Abb. 10: Korrelationsanalyse der Expressionsstärken von *lrp* und *mdr1* nach quantitativer Light Cycler PCR.

Es war weder mit dem Test nach Pearson noch mit dem nach Spearman eine Korrelation erkennbar. Im Punktdiagramm scheint eine negative Korrelation vorzuliegen.

### 3.2. Translationsebene

Präparate von 31 operierten Kolonkarzinompatienten wurden mit der Alkalischen-Phosphatase-Anti-alkalischen Phosphatase-Technik (APAAP) auf die Expression der Multidrug Resistenz-assoziierten Proteine untersucht.

Zur Beurteilung der Expressionsstärke wurden die aufgearbeiteten Präparate (siehe als Beispiele folgende Seiten Abb. 11-13) unter dem Mikroskop betrachtet und nach dem Kriterium der Anzahl positiver Tumorzellen in Zehnerschritten von 0 bis 100 % eingeteilt (siehe Tabelle 3).

Das Multidrug Resistenz-assoziierte Protein MRP konnte bei allen 31 Gewebeproben nachgewiesen werden, hingegen war LRP bei drei (Pat. 4, 14 und 24) und das P-Glykoprotein bei zwei Proben (Pat. 23 und 24) negativ.

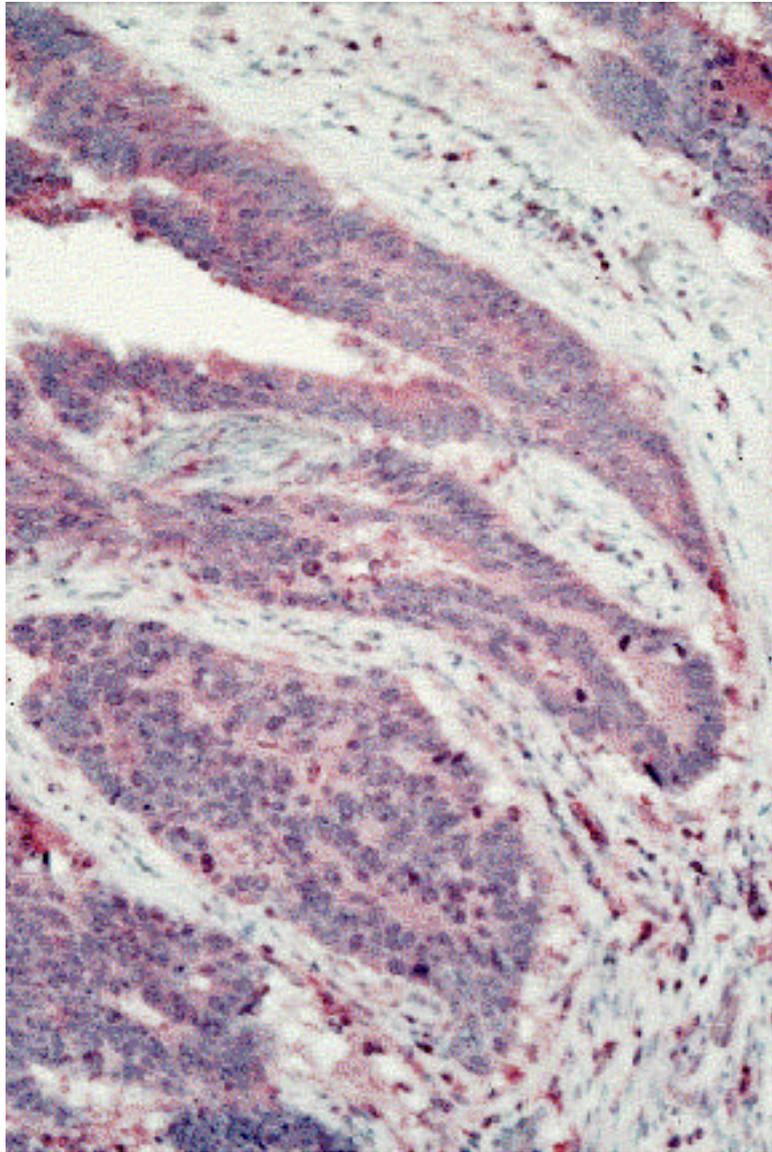


Abb.11: Immunhistochemische Färbung des P - Glykoproteins

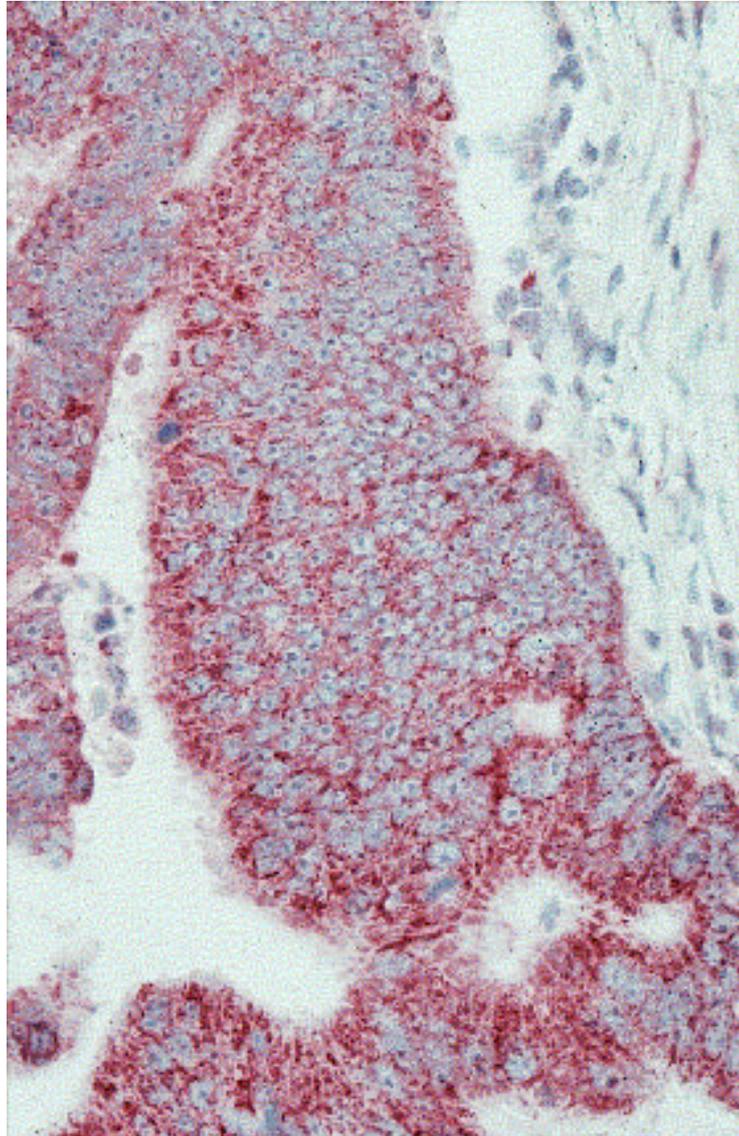


Abb. 12: Immunhistochemische Färbung des Multidrug Resistenz – assoziierten Proteins

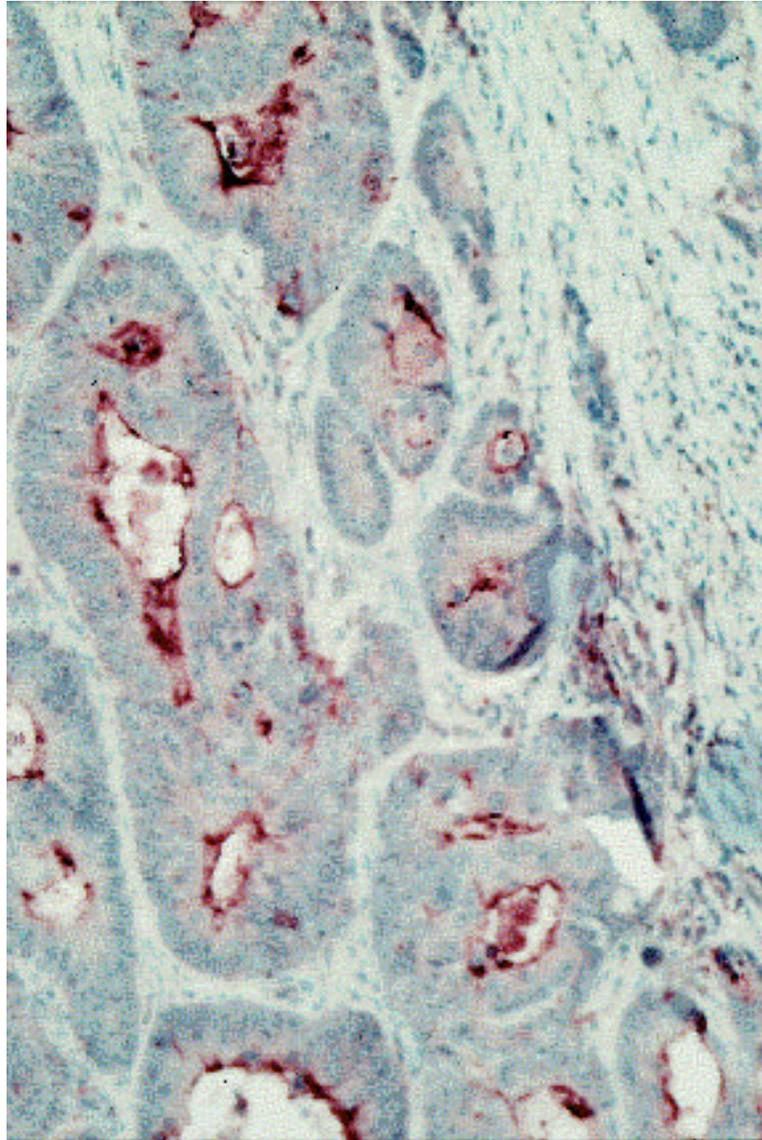


Abb.13: Immunhistochemische Färbung des Lungen Resistenz – assoziierten Proteins

Tab. 3: Quantitative Auswertung auf Translationsebene.  
Einteilung bezieht sich auf % positiver Zellen/Schnitt.

	<b>Lrp (%)</b>	<b>Pgp (%)</b>	<b>Mrp1 (%)</b>
<b>Pat. 1</b>	100	100	90
<b>Pat. 2</b>	90	100	90
<b>Pat. 3</b>	80	90	90
<b>Pat. 4</b>	0	10	70
<b>Pat. 5</b>	100	80	90
<b>Pat. 6</b>	90	90	90
<b>Pat. 7</b>	60	90	80
<b>Pat. 8</b>	70	70	90
<b>Pat. 9</b>	80	100	100
<b>Pat. 10</b>	100	100	80
<b>Pat. 11</b>	50	100	90
<b>Pat. 12</b>	90	90	100
<b>Pat. 13</b>	90	100	90
<b>Pat. 14</b>	0	50	80
<b>Pat. 15</b>	60	100	70
<b>Pat. 16</b>	40	90	70
<b>Pat. 17</b>	70	60	60
<b>Pat. 18</b>	50	90	80
<b>Pat. 19</b>	100	100	100
<b>Pat. 20</b>	100	80	90
<b>Pat. 21</b>	90	100	90
<b>Pat. 22</b>	100	100	100
<b>Pat. 23</b>	10	0	80
<b>Pat. 24</b>	0	0	80
<b>Pat. 25</b>	80	100	90
<b>Pat. 26</b>	10	90	90
<b>Pat. 27</b>	90	90	90
<b>Pat. 28</b>	100	90	80
<b>Pat. 29</b>	60	90	70
<b>Pat. 30</b>	100	90	100
<b>Pat. 31</b>	70	90	70

Mit den Werten aus Tabelle 3 wurden anschließend zur statistischen Auswertung Korrelationsanalysen nach Spearman und Pearson durchgeführt und es wurde jeweils ein Punktdiagramm erstellt.

## 3.2.1. Untersuchung der Korrelation von LRP und MRP

**LRP - MRP**

	<b>Pearson</b>	<b>Spearman</b>
<b>Korr.</b>	0,479	0,576
<b>Sig. (2-tailed)</b>	0,006	0,001
<b>N</b>	31	31

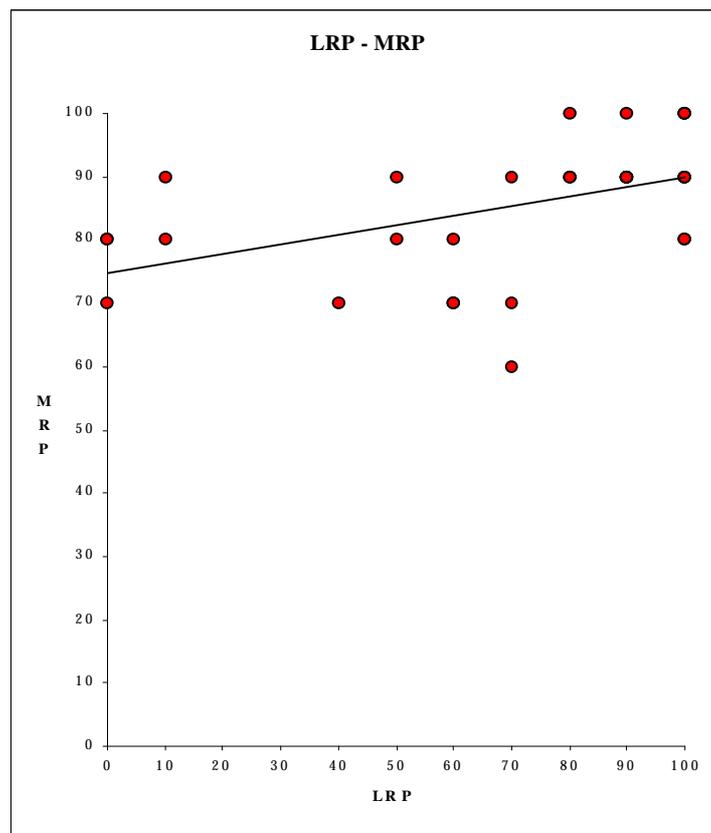


Abb. 14: Korrelationsanalyse auf Translationsebene zwischen LRP und MRP.

Für die Expression der Multidrug Resistenz-assoziierten Proteine LRP und MRP ergab sich sowohl nach Spearman als auch nach Pearson eine eindeutig positive Korrelation. In der graphischen Darstellung ist diese nur schwach zu erkennen.

## 3.2.2. Untersuchung der Korrelation von MRP und Pgp

**MRP-Pgp**

	<b>Pearson</b>	<b>Spearman</b>
<b>Korr.</b>	0,378	0,414
<b>Sig. (2-tailed)</b>	0,036	0,021
<i>N</i>	31	31

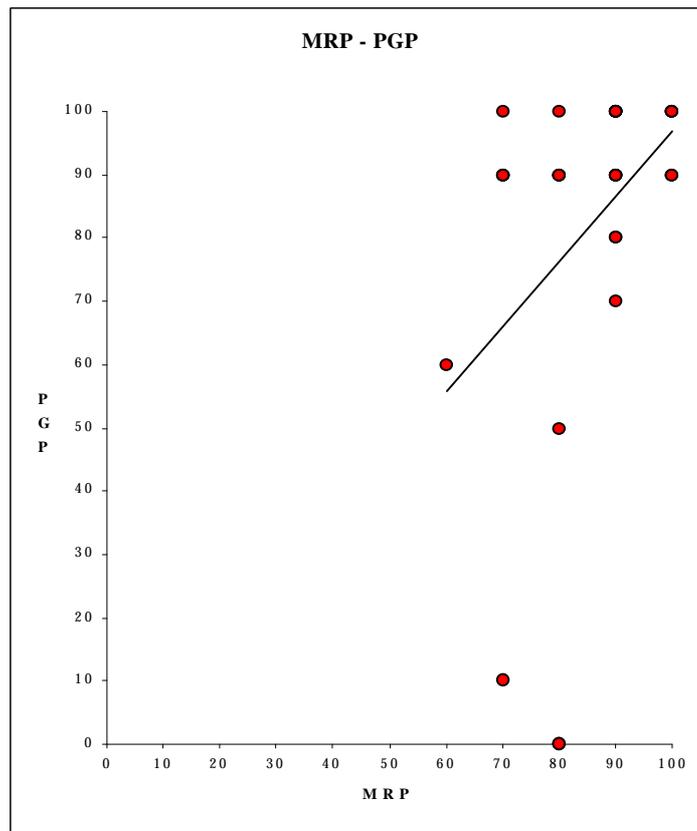


Abb. 15: Korrelationsanalyse auf Translationsebene zwischen MRP und Pgp.

Es zeigt sich eine schwache positive Korrelation für MRP und Pgp mit beiden statistischen Tests, die im Punktdiagramm sehr stark positiv zu sein scheint.

## 3.2.3. Untersuchung der Korrelation von LRP und Pgp

**LRP-Pgp**

	<b>Pearson</b>	<b>Spearman</b>
<b>Korr.</b>	0,724	0,453
<b>Sig. (2-tailed)</b>	0,001	0,010
<b>N</b>	31	31

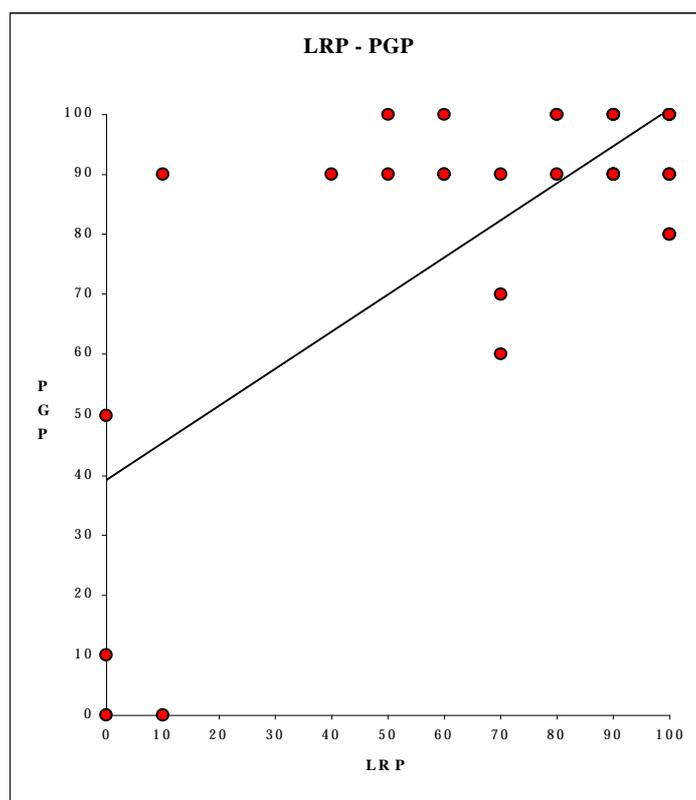


Abb. 16: Korrelationsanalyse auf Translationsebene zwischen LRP und Pgp.

Für die Multidrug Resistenz-assoziierten Proteine LRP und Pgp ergab sich eine eindeutig positive Korrelation, die sich mit beiden statistischen Tests nachweisen ließ. Dies wird durch die graphische Darstellung bestätigt.

### 3.3. Vergleich Transkriptions-Translationsebene

Es wurden im folgenden die Ergebnisse der Expressionsanalysen der Multidrug Resistenz-assoziierten Gene und Proteine auf ihre Korrelation untersucht.

#### 3.3.1. Light Cycler PCR versus Immunhistochemie (IHC)

##### 3.3.1.1. LRP

##### LRP - $\beta$ 2M / *lrp*

	<b>Pearson</b>	<b>Spearman</b>
<b>Korr.</b>	-0,397	-0,456
<b>Sig. (2-tailed)</b>	0,036	0,015
<b>N</b>	28	28

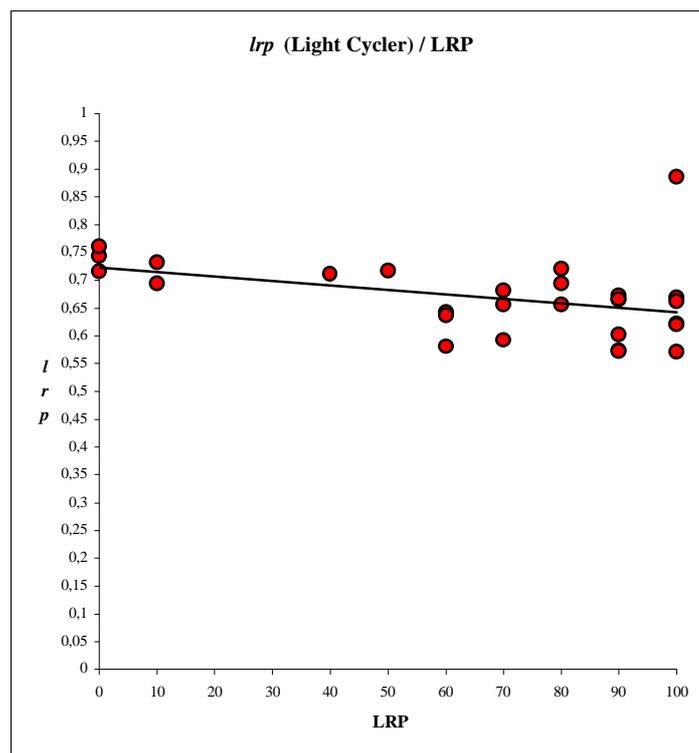


Abb. 17: Korrelation der mit dem Light Cycler bzw. mittels IHC ermittelten quantitativen Daten für *lrp* Transkripte bzw. LRP.

Es zeigte sich eine schwach negative Korrelation nach Spearman und Pearson für die Gen- und Proteinexpression von LRP, die auch im Punktdiagramm sichtbar wird.

## 3.3.1.2. MRP

MRP -  $\beta 2M$  / *mrp*

	<b>Pearson</b>	<b>Spearman</b>
<b>Korr.</b>	0,125	0,079
<b>Sig. (2-tailed)</b>	0,511	0,678
<b>N</b>	30	30

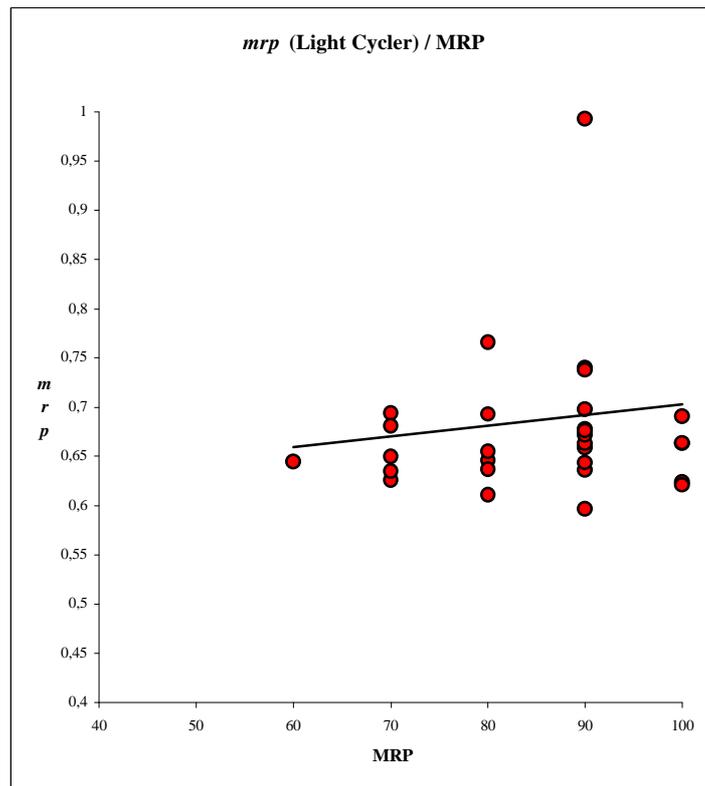


Abb. 18: Korrelation der mit dem Light Cycler bzw. mittels IHC ermittelten quantitativen Daten für *mrp* Transkripte bzw. MRP.

Für die Expression von MRP war keine Korrelation erkennbar. Die graphische Darstellung zeigt eine schwach positive Korrelation.

3.3.1.3. Pgp/*mdr1***Pgp -  $\beta$ 2M / *mdr1***

	<b>Pearson</b>	<b>Spearman</b>
<b>Korr.</b>	-0,229	-0,357
<b>Sig. (2-tailed)</b>	0,241	0,062
<b>N</b>	28	28

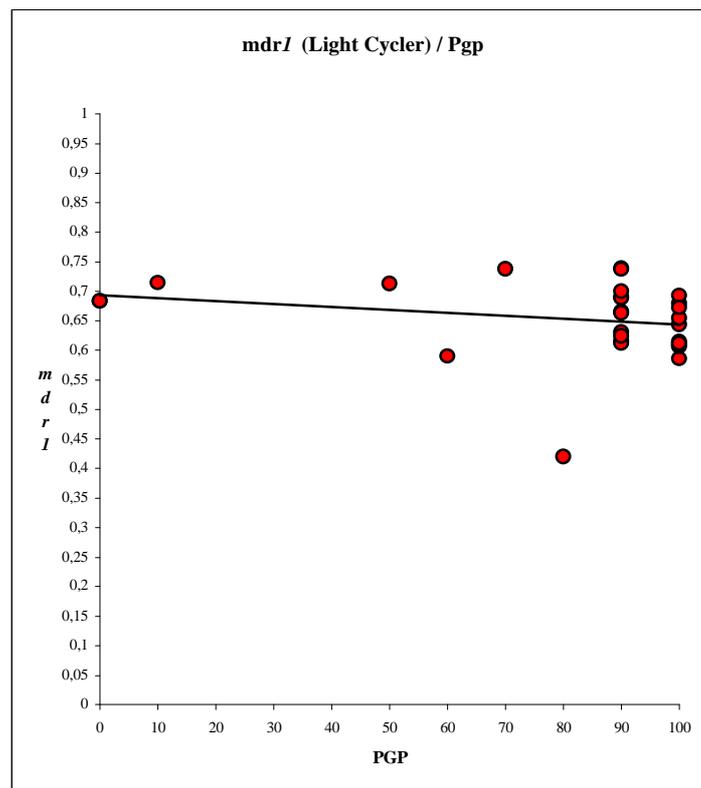


Abb. 19: Korrelation der mit dem Light Cycler bzw. mittels IHC ermittelten quantitativen Daten für *mdr1* Transkripte bzw. Pgp.

Es konnte keine Korrelation für die Gen- und Proteinexpression des P-Glykoproteins nachgewiesen werden. Das Punktdiagramm impliziert eine schwach negative Korrelation.

### 3.3.2. Konventionelle PCR versus Immunhistochemie

#### 3.3.2.1. LRP

##### Lrp - $\beta$ 2M / *lrp*

	<b>Pearson</b>	<b>Spearman</b>
<b>Korr.</b>	-0,001	0,069
<b>Sig. (2-tailed)</b>	0,996	0,712
<b>N</b>	31	31

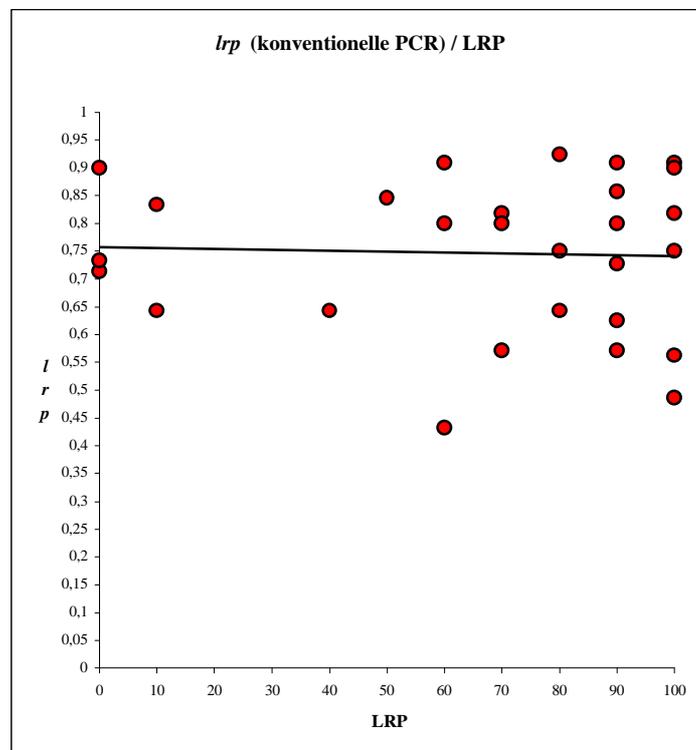


Abb. 20: Korrelation der mit der konventioneller PCR bzw. mittels IHC ermittelten quantitativen Daten für *lrp* Transkripte bzw. LRP.

Es war weder mit Pearson noch mit Spearman eine Korrelation für LRP erkennbar, was durch die graphische Darstellung bestätigt wird.

## 3.3.2.2. MRP

**MRP -  $\beta 2M$  / *mrp***

	<b>Pearson</b>	<b>Spearman</b>
<b>Korr.</b>	0,072	0,010
<b>Sig. (2-tailed)</b>	0,702	0,958
<b>N</b>	31	31

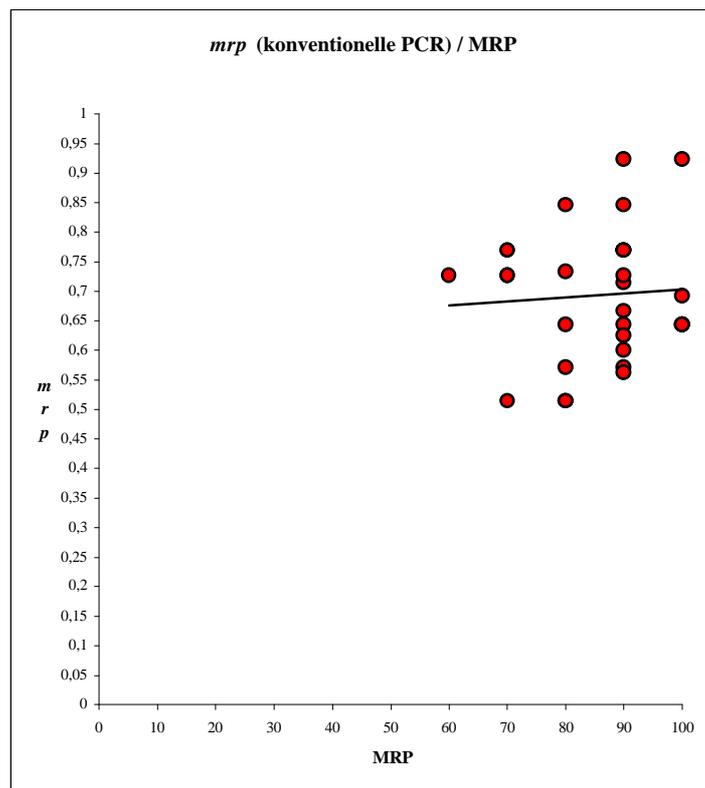


Abb. 21: Korrelation der mit der konventioneller PCR bzw. mittels IHC ermittelten quantitativen Daten für *mrp* Transkripte bzw. MRP.

Bei den Analysen der Gen- und Proteinexpression für MRP ließ sich keine Korrelation nachweisen. Auch im Punktdiagramm lässt sich nur der Trend einer Korrelation erkennen.

3.3.2.3. Pgp/*mdr1***Pgp -  $\beta$ 2M /*mdr1***

	<b>Pearson</b>	<b>Spearman</b>
<b>Korr.</b>	0,035	-0,158
<b>Sig. (2-tailed)</b>	0,853	0,395
<b>N</b>	31	31

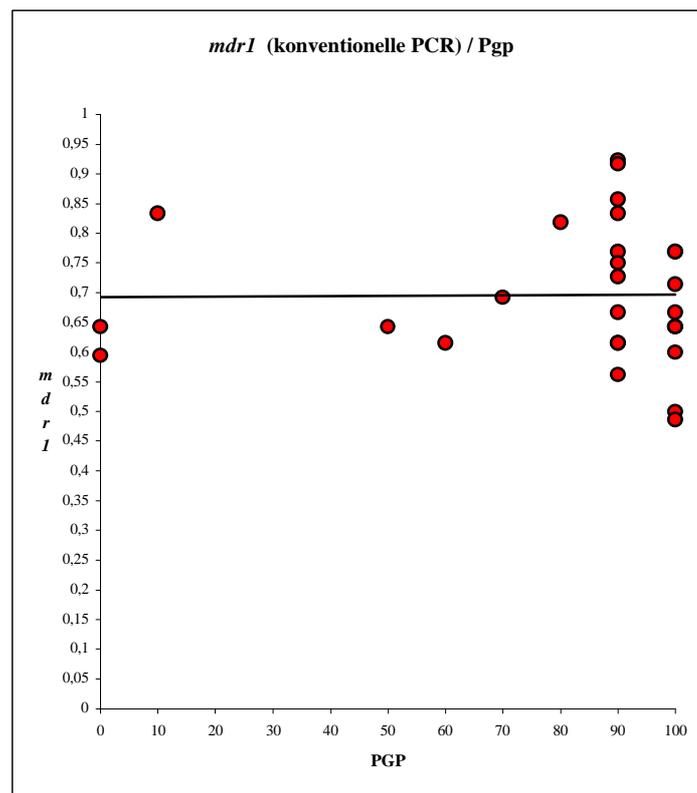


Abb. 22: Korrelation der mit der konventioneller PCR bzw. mittels IHC ermittelten quantitativen Daten für *mdr1* Transkripte bzw. Pgp.

Für das P-Glykoprotein ergab sich weder mit dem Test nach Pearson, noch nach Spearman eine Korrelation der Gen- und Proteinexpression, wie durch das Diagramm illustriert wird.

### 3.4. Vergleich Light Cycler-konventionelle PCR

In der vorliegenden Arbeit kamen zwei verschiedene Methoden der Polymerase-Kettenreaktion zur Anwendung, zum einen die konventionelle semiquantitative- und zum anderen die quantitative Real-Time RT-PCR (Light Cycler). Im Anschluss wurden die jeweiligen PCR-Ergebnisse der Genexpressionen auf Korrelation untersucht.

#### 3.4.1 *lrp*

#### $\beta 2M$ / *lrp* (Light Cycler) - $\beta 2M$ / *lrp* (konv. PCR)

	Pearson	Spearman
<b>Korr.</b>	-0,123	0,028
<b>Sig. (2-tailed)</b>	0,533	0,888
<b>N</b>	28	28

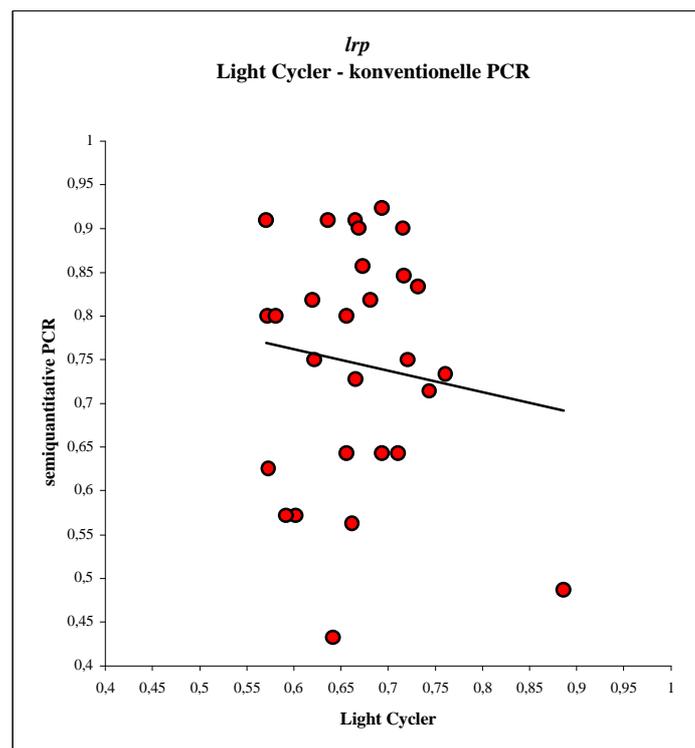


Abb. 23: Nachweis von *lrp* Transkript: quantitative Light Cycler PCR versus semiquantitative konventionelle PCR.

Für die verschiedenen Methoden des Expressionsnachweises von *lrp* konnte mit beiden statistischen Tests keine Korrelation gefunden werden. Die graphische Darstellung impliziert eine negative Korrelation.

3.4.2. *mrp* **$\beta 2M/mrp$  (Light Cycler) -  $\beta 2M/mrp$  (konv. PCR)**

	<b>Pearson</b>	<b>Spearman</b>
<b>Korr.</b>	0,284	0,149
<b>Sig. (2-tailed)</b>	0,128	0,431
<b>N</b>	30	30

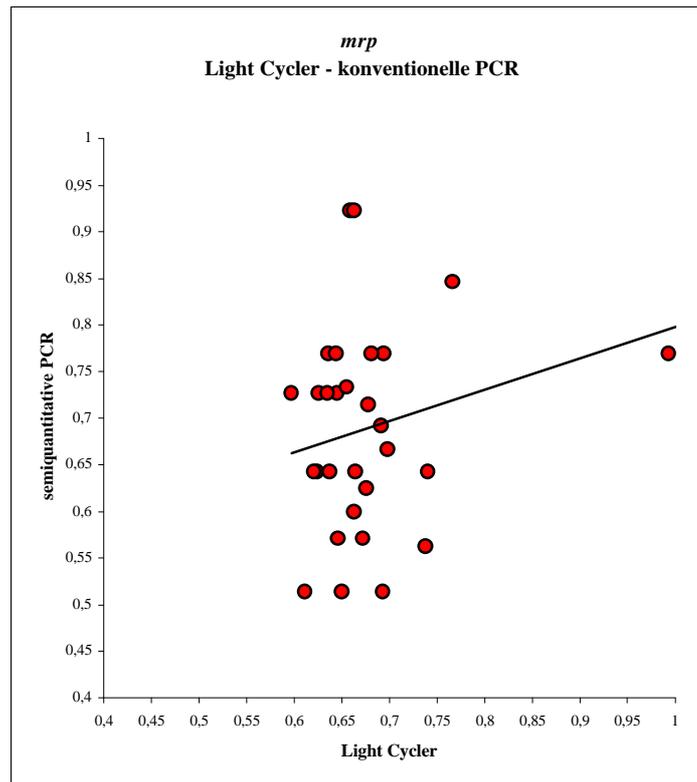


Abb. 24: Nachweis von *mrp* Transkript: quantitative Light Cycler PCR versus semiquantitative konventionelle PCR.

Es ergab sich für die Expression von *mrp* keine Korrelation zwischen den Ergebnissen der beiden PCR-Methoden. Das Punktdiagramm lässt jedoch eine Korrelation erkennen.

3.4.3. *mdr1* **$\beta$ 2M/*mdr1* (Light Cycler) -  $\beta$ 2M/*mdr1* (konv. PCR)**

	<b>Pearson</b>	<b>Spearman</b>
<b>Korr.</b>	-0,020	0,111
<b>Sig. (2-tailed)</b>	0,918	0,575
<b>N</b>	28	28

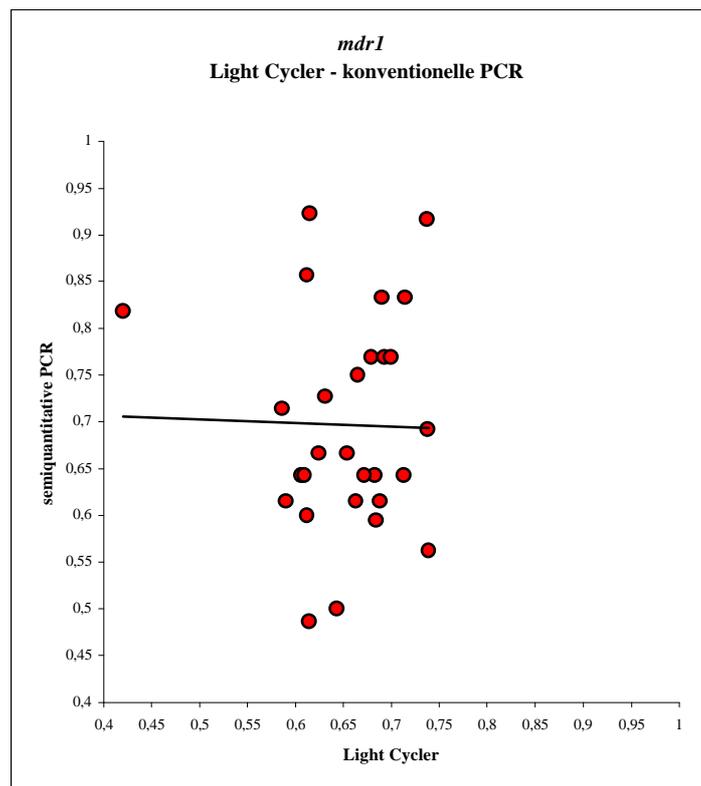


Abb. 25: Nachweis von *mdr1* Transkript: quantitative Light Cycler PCR versus semiquantitative konventionelle PCR.

Mit den Tests nach Pearson und Spearman konnte für die mittels unterschiedlicher PCR-Methoden ermittelten Genexpression von *mdr1* keine Korrelation festgestellt werden, was die graphische Darstellung bestätigt.