

## 9. Anhang

### 9.1. Tabelle des Zellhybridpanels mit Auflistung der DNA-Nummern und der enthaltenen Chromosomen

Chromosom	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	X	Y
Nr.	DNA-Nr.																							
1	+	+	-	+	+	+	+	+	-	-	(+)	+	(+)	+	+	+	+	+	+	+	-	+	-	-
2	+	+	+	+	(+)	+	+	+	+	-	(+)	+	+	+	+	(+)	+	+	+	+	(+)	(+)	(+)	-
3	+	+	+	+	-	+	+	+	-	+	-	-	+	+	+	-	+	+	+	+	-	-	-	-
4	-	+	+	-	+	+	-	+	-	(+)	-	-	(+)	+	+	-	+	-	+	-	+	+	-	+
5	-	-	+	+	-	+	(+)	+	-	-	+	+	-	+	(+)	-	+	-	(+)	+	-	-	(+)	-
6	-	+	+	(+)	+	-	+	(+)	-	-	(+)	+	+	+	+	-	+	+	-	+	+	+	(+)	(+)
7	-	-	-	-	+	-	+	-	+	+	-	+	-	+	-	-	+	-	-	+	+	-	-	+
8	-	-	-	+	+	+	-	+	-	(+)	+	+	-	-	-	-	+	-	(+)	-	+	-	-	-
9	+	-	+	+	+	+	+	+	-	(+)	-	+	+	+	+	-	+	+	+	+	+	+	-	+
10	-	+	-	-	+	+	(+)	+	-	-	+	+	-	(+)	+	-	+	+	-	+	+	+	-	-
11	-	-	+	+	+	+	-	-	-	(+)	-	+	+	+	-	-	+	+	-	+	+	+	-	-
12	-	-	-	+	-	+	+	+	+	+	+	-	(+)	+	(+)	-	+	-	+	+	-	+	-	-
13	-	-	+	+	-	+	+	+	-	(+)	-	+	-	+	+	-	+	+	-	-	-	-	-	-
14	-	-	(+)	+	+	+	+	(+)	-	-	+	+	-	+	(+)	-	+	-	(+)	+	+	+	-	(+)
15	-	-	+	-	-	-	+	+	-	-	-	-	-	-	+	-	+	-	-	-	-	-	-	-
16	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-
17	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-
18	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-

**Tab. 9.1:** Auflistung der DNA-Daten von Zellen aus dem *Somatic Cell Hybrid Mapping Panel #1* vom HGMCRC (*Human Genetic Mutant Cell Repository*) des NIGMS (*National Institute of General Medical Sciences*) mit fortlaufender Nummerierung, DNA-Nummern der einzelnen Zellhybride und den enthaltenen Chromosomen (vgl. Kap. 3.1.1., S. 27); - bedeutet, daß das jeweilige Chromosom in dem Hybrid nicht repräsentiert ist; (+) bedeutet, daß bis zu 10 % der Zellen eines Hybrides das entsprechende Chromosom besitzen; + bedeutet, daß in über 10 % der Zellen das Chromosom enthalten ist.

## 9.2. Tabelle mit Patienten- und Tumordaten der Kolonkarzinome

**Tab. 9.2.:** Aufschlüsselung der untersuchten Tumore mit interner Patientenidentifikationsnummer (ID), Angaben zum Erkrankungsalter und Geschlecht (M=männlich, F=weiblich) der Patienten, zur genaueren Tumorcharakterisierung [Lokalisation, Beurteilung des Malignitätsgrades (grading) und des Resektionserfolges (Res.), Gruppierung anhand der anatomischen Ausdehnung(Tumor-Node-Metastasis staging)] und zum weiteren klinischen Verlauf

Patienten-ID	Alter/ Geschl.	Tumordaten				Klinische Daten
		Lokalisation	Grading	Res	TNM-Staging	Klinischer Verlauf, Beurteilung nach OP in Monaten
76D1	43/ M	Rectum	G2	R0	T2N0M0	lebt mit Erkrankung, 36
123D1	54/ M	Rectum	G2	R0	T2N1M0	keine Erkrankungsanzeichen, 27
124D1	51/ M	Rectum	G2	R0	T3N1M0	verstorben an Erkrankung, 47
125D1	66/ M	C. sigmoideum	G2	R0	T4N0M0	lebt mit Erkrankung, 25
126D1	31/ F	C. descendens	G1	R0	T1N0M0	keine Erkrankungsanzeichen, 27, (FAP)
127D1	57/ M	C. sigmoideum	G1	R2	T3N2M1	verstorben an Erkrankung, 34
128D1	57/ F	Rectum	G2	R0	T2N0M0	keine Erkrankungsanzeichen, 48
129D1	56/ F	Rectum	G1	R0	T1N0M0	keine Erkrankungsanzeichen, 29
130D1	76/ M	Rectum	G2	R0	T2N0M0	keine Erkrankungsanzeichen, 24
131D1	69/ F	C. sigmoideum	G2	R0	T2N0M0	keine Erkrankungsanzeichen, 25
132D1	67/ M	C. sigmoideum	G2L1V1	R0	T2N0M1	lebt mit Erkrankung, 30
133D1		Karzinoid				lebt
134D1	62/ M	C. transversum	G2	R0	T4N0M0	keine Erkrankungsanzeichen, 30
135D1	68/ M	HCC				lebt mit Erkrankung, 7
137D1	/M	Diverticulitis				keine Erkrankungsanzeichen
142D1	58/ F	Rectum	G2	R2	T4N3M1	keine Erkrankungsanzeichen, 12
143D1	56/ F	C. transversum	G3	R0	T4N3M1	lebt mit Erkrankung, 20
144D1	48/ M	Rectum	G2	R0	T3N0M0	lebt mit Erkrankung, 48
145D1	73/ M	C. sigmoideum	G1	R0	T3N0M1	lebt mit Erkrankung, 24
146D1	69/ F	Rectum	G2	R0	T2N0M0	keine Erkrankungsanzeichen, 27
147D1	57/ F	Flexura hepat.	G2	R0	T3N0M0	keine Erkrankungsanzeichen, 24
153D1	66/ F	C. descendens	GX	R0	T3N1M0	lebt mit Erkrankung, 72
155D1	72/ F	Rectum	G1	R0	T3N0M0	keine Erkrankungsanzeichen, 24
156D1	67/ M	C. ascendens	G3	R0	T3N0M0	keine Erkrankungsanzeichen, 1
161D1	64/ F	Rectum	G2	R0	T2N0M0	keine Erkrankungsanzeichen, 16
162D1	50/ M	Rectum	G2	R0	T2N0M0	keine Erkrankungsanzeichen, 16
164D1	69/ M	Flexura hepat.	G2	R2	T3N2M1	verstorben an Erkrankung, 6
165D1	86/ M	C. sigmoideum	G2	R0	T3N1M0	keine Erkrankungsanzeichen, 16
166D1	56/ M	Rectum	G2	R0	T2N0M0	keine Erkrankungsanzeichen, 5
168D1	74/ M	C. sigmoideum	G1	R0	T1N0M0	keine Erkrankungsanzeichen, 13
169D1	59/ M	C. sigmoideum	G3	R0	T3N0M0	lebt mit Erkrankung, 50
170D1	69/ M	C. sigmoideum	G2	R0	T3N0M0	keine Erkrankungsanzeichen, 38
171D1	63/ F	C. sigmoideum	G2	R0	T3N1M0	keine Erkrankungsanzeichen, 17
173D1	66/ F	C. sigmoideum	G1	R0	T3N0M0	verstorben an Erkrankung, 19
174D1	80/ M	C. sigmoideum	G2	R0	T3N3M0	keine Erkrankungsanzeichen, 17
175D1	62/ M	C. ascendens	G2	R0	T2N0M0	keine Erkrankungsanzeichen, 17
176D1	52/ F	C. sigmoideum	G2	R0	T3N2MX	verstorben an Erkrankung, 14
178D1	67/ M	C. descendens	G2	R0	T3N2MX	keine Erkrankungsanzeichen, 7
182D1	82/ F	Rectum	G1	R0	T3N0M0	keine Erkrankungsanzeichen, 17
184D1	80/ F	C. sigmoideum	G2	R0	T3N1M1	verstorben mit Erkrankung, 4

### 9.3. Verzeichnis der verwendeten Abkürzungen

A	Alanin (Aminosäure); Adenin (stickstoffhaltige Base, Purin)
Abb.	Abbildung
APC	adenomatöse Polyposis coli, APC-Gen auf 5q21
Aqua bidest.	Aqua bidestillata
BAC	bacterial artificial chromosome (künstliches Bakterienchromosom)
BLOOM	Bloom-Syndrom; verantwortliches Gen auf 15q26
bp	Basenpaar
bzw.	beziehungsweise
C	Cytosin (stickstoffhaltige Base, Pyrimidin)
cDNA	komplementäre DNA
<i>CEPH</i>	<i>Centre d'Éudes du Polymorphisme Humain</i>
cM	centiMorgan (Einheit der genetischen Kartierung, 1 cM entspricht ca. der Länge einer Megabase)
D	Dalton
d. h.	das heißt
DNA	deoxyribonucleic acid (Desoxyribonukleinsäure)
FAM	6-Carboxyfluorescein
FAP	Familiäre Adenomatöse Poliposis
G	Glycin (Aminosäure); Guanin (stickstoffhaltige Base, Purin)
g	Gramm
GDP	Guanosindiphosphat
ggf.	gegebenenfalls
GTP	Guanosintriphosphat
HEX	4,7,2',4',5',7'-Hexachloro-6-carboxyfluorescein
hSRP1 $\alpha$	human homolog of suppressor of RNA polymerase I mutation alpha (Protein des KPNA2-Gens)
IBB-Domäne	Importin beta bindende Domäne
K	Lysin
Kap.	Kapitel
kb	kilo Basen
kD	kiloDalton
KPNA2	Karyopherin alpha 2
LOH	loss of heterozygosity, Hetrozygotieverlust

---

MADR2	MAD-related gene 2; vermutetes Tumorsuppressorgen auf dem Chromosom 18q21
Mb	Megabasen
mg	Milligramm
min <sup>-1</sup>	Umdrehungen pro Minute
ml	Milliliter
MOM	modifier of Min (multiple intestinal neoplasia gene); MOM-Gen auf dem Chromosom 1p35-36
mRNA	messenger ribonucleic acid
NLS	nuclear localisation signal
NPC	nuclear pore complex
NTF2	nuclear transport factor 2
o.a.	oben angeführt
OHO31	overgrown hematopoietic organs-31 (Tumorsuppressorgen bei <i>Drosophila melanogaster</i> )
P	Prolin
p	petit (kurz), Position auf dem kurzen Arm eines Chromosomes
PAC	P1 artificial chromosome (Bakteriophage P1- abgeleitetes künstliches Chromosom)
PCR	polymerase chain reaction (Polymarase Kettenreaktion)
Q	Glutamin
q	queue (lang), Position auf dem langen Arm eines Chromosomes
qter	Telomer des langen Armes eines Chromosomes
R	Arginin
RCH1	RAG (recombination activating gene) cohort 1 (Protein des KPNA2-Gens)
RNA	ribonucleic acid (Ribonukleinsäure)
S.	Seite
sog.	sogenannt
STS	sequence tagged site (sequenzmarkierte Stelle)
T	Threonin (Aminosäure); Thymin (stickstoffhaltige Base, Pyrimidin)
Tab.	Tabelle
TAMRA	N,N,N',N'-Tetramethyl-6-carboxyrhodamin
ter	Telomer

---

TET	4,7,2',7'-Tetrachloro-6-carboxyfluorescein
T <sub>m</sub>	melting temperature (DNA-Schmelztemperatur)
T <sub>p</sub>	primering temperature (Anlagerungstemperatur)
TP53	Tumorsuppressorgen auf 17q12; (Li-Fraumeni-Syndrom)
V	Valin
vgl.	vergleiche
YAC	yeast artificial chromosome (künstliches Hefechromosom)
z. B.	zum Beispiel
µg	Mikrogramm
µm	Mikrometer
17q23	Bezeichnung einer Region auf dem langen Arm (q= queue (lang)) des Chromosoms 17, die sich nach Giemsa-Färbung in Form einer definierten Bande (Nr: 23) darstellt