

| | |
|--|----|
| 1. Einleitung | 12 |
| 1.1. Der Geruchssinn | 12 |
| 1.2. Anatomie und Informationsfluß im Olfaktorischen System | 13 |
| 1.3. Struktur von Olfaktorischen Rezeptoren und ihrer Gene | 14 |
| 1.4. Signaltransduktion in olfaktorischen Neuronen..... | 17 |
| 1.5. Expression von Olfaktorischen Rezeptor (OR) Genen | 18 |
| 1.6. HLA (Human Leucocyte Antigen), HLA-gekoppelte Olfaktorische Rezeptorgene und der Fortpflanzungserfolg | 18 |
| 1.7. Zielsetzung der Arbeit | 21 |
| 1.7.1. Untersuchung der genetischen Kopplung zwischen HLA und olfaktorischen Genen | 21 |
| 1.7.2. Analyse der Expression von HLA-gekoppelten OR Genen in verschiedenen humanen Geweben | 22 |
| 1.7.3. Analyse der genomischen Organisation von einzelnen HLA-gekoppelten OR Genen | 22 |
| 2. Material | 23 |
| 2.1. Humane Zelllinien | 23 |
| 2.2. Chemikalien und Materialien..... | 23 |
| 2.3. Geräte | 25 |
| 2.4. Medien..... | 26 |
| 2.5. Puffer und Lösungen..... | 27 |
| 2.6. Vektoren | 31 |
| 2.7. Primer und Bedingungen für die Polymerasekettenreaktion | 32 |
| 2.7.1. Oligonukleotide für die Polymorphismus-Analyse | 32 |
| 2.7.2. Oligonukleotide für RACE (Rapid Amplification of cDNA Ends)..... | 33 |
| 2.7.2.1. Äußere genspezifische Primer für die 5' RACE | 33 |
| 2.7.2.2. Innere genspezifische Primer für die 5' RACE | 33 |
| 2.7.2.3. Äußere genspezifische Primer für die 3' RACE | 34 |
| 2.7.2.4. Innere genspezifische Primer für die 3' RACE | 34 |
| 2.7.2.5. Genspezifische Primer in den letzten beiden Domänen der kodierenden Region der OR Gene | 35 |
| 2.7.2.6. Primer für die spezifische PCR | 35 |
| 2.7.3. Plasmidspezifische Oligonukleotide | 36 |
| 2.7.4. OR-cDNA spezifische Primer | 36 |
| 2.7.5. Oligonukleotide für die Sequenzreaktion | 36 |
| 2.7.6. Primer für konstitutiv exprimierte Haushaltsgene | 37 |
| 2.7.7. Sonstige Primer | 37 |
| 3. Methoden | 38 |
| 3.1. Zellkultur..... | 38 |
| 3.1.1. Züchtung von Zelllinien..... | 38 |
| 3.1.2. Einfrieren, Lagerung und Auftauen von Zelllinien | 38 |
| 3.2. Isolierung genomicscher DNA | 38 |

| | |
|---|----|
| 3.2.1. Phenolextraktion | 38 |
| 3.3. Isolierung von Gesamt RNA..... | 39 |
| 3.3.1. RNAGents®Total RNA Isolation System (Promega) | 39 |
| 3.3.2. peqGOLD TriFastTM (peqLab)..... | 39 |
| 3.4. Konzentrationsbestimmung von DNA und RNA | 40 |
| 3.4.1. Photometrische Bestimmung..... | 40 |
| 3.4.2. Picogreen-Messung | 40 |
| 3.5. Gelelektrophorese..... | 40 |
| 3.5.1. Polyacrylamid-Gelektrophorese..... | 41 |
| 3.5.2. Agarose-Gelektrophorese | 41 |
| 3.5.3. RNA-Gele..... | 41 |
| 3.5.4. Denaturierendes Polyacrylamid-Gel für Sequenzanalysen..... | 42 |
| 3.6. Nachweis gelelektrophoretisch aufgetrennter Moleküle | 43 |
| 3.6.1. Fluoreszenzfärbung mit Ethidiumbromid | 43 |
| 3.6.2. Fluoreszenzfärbung mit SYBR-Green | 43 |
| 3.7. DNA-Isolierung aus Gelen..... | 43 |
| 3.7.1. DNA-Isolierung aus Polyacrylamid-Gelen | 43 |
| 3.7.1.1. DNA-Elution durch Diffusion..... | 43 |
| 3.7.1.2. Elektroelution | 44 |
| 3.7.2. DNA-Isolierung aus Agarose-Gelen | 44 |
| 3.7.2.1. DNA-Elution durch Diffusion | 44 |
| 3.7.2.2. DNA-Elution mit einer Absorber-Emulsion | 44 |
| 3.8. Fällung von Nukleinsäuren..... | 45 |
| 3.8.1. Ethanol-Fällung | 45 |
| 3.8.2. Isopropanol-Fällung | 45 |
| 3.9. Entfernung niedermolekularer Stoffe aus DNA-Lösungen..... | 45 |
| 3.9.1. Gelfiltration..... | 45 |
| 3.9.2. Dialyse | 45 |
| 3.10. Polymerasekettenreaktion | 46 |
| 3.10.1. PCR aus Plasmid-DNA..... | 46 |
| 3.11. DNA-Sequenzierung | 47 |
| 3.11.1. Sequenzier-PCR-Ansatz..... | 47 |
| 3.11.2. Automatisierte Sequenzanalyse | 48 |
| 3.12. Herstellung von cDNA | 48 |
| 3.13. Hybridisierung..... | 49 |
| 3.13.1. Radioaktive Markierung | 49 |
| 3.13.1.1. Markierung der Sonde | 49 |
| 3.13.1.2. Radioaktive Hybridisierung..... | 49 |
| 3.13.1.3. Autoradiographie | 50 |
| 3.13.2. Nichtradioaktive Markierung | 50 |
| 3.13.2.1. Markierung der Sonde | 50 |
| 3.13.2.2. Nichtradioaktive Hybridisierung | 51 |

| | |
|---|----|
| 3.13.2.3. Detektion..... | 51 |
| 3.14. Transformation..... | 51 |
| 3.14.1. Herstellung elektrokompetenter Zellen | 51 |
| 3.14.2. Transformation | 52 |
| 3.14.2.1. Elektroporation..... | 52 |
| 3.14.2.2. Hitzeschock | 52 |
| 3.14.3. Dauerkulturen | 52 |
| 3.14.4. Animpfen..... | 52 |
| 3.15. Plasmidisolierung | 53 |
| 3.15.1. (Mini-) Plasmid-Präparation | 53 |
| 3.15.2. (Midi-) Plasmid-Präparation | 53 |
| 3.16. Restriktionsenzymverdau | 54 |
| 3.17. Ligation | 55 |
| 3.17.1. Ligation mit T4-Ligase..... | 55 |
| 3.17.2. Ligation ohne Ligase..... | 55 |
| 3.18. Southern Blotting | 55 |
| 3.18.1. Southern-Blot, gravitationsunterstützt..... | 55 |
| 3.18.2. Southern-Blot, spannungsunterstützt | 56 |
| 3.19. <i>In-situ</i> -Hybridisierung..... | 56 |
| 3.19.1. Herstellung von einzelsträngigen RNA-Sonden | 57 |
| 3.19.2. Parrafinschnitte | 58 |
| 3.19.3. Hybridisierung | 58 |
| 3.19.4. Silikonisierung von Deckgläschen | 59 |
| 3.19.5. Waschen nach der Hybridisierung..... | 59 |
| 3.19.6. Beschichten der Objektträger mit Fotoemulsion..... | 60 |
| 3.19.7. Entwickeln..... | 60 |
| 3.20. Angewendete Programme..... | 60 |
| 4. Ergebnisse und Auswertung | 61 |
| 4.1. Polymorphismusanalyse und Definition von OR-Haplotypen | 61 |
| 4.1.1. OR Pseudogene | 63 |
| 4.1.2. OR Gene mit einem offene Leseraster (ORF)..... | 64 |
| 4.1.3. Aminosäure (AS) Austausche in den OR | 66 |
| 4.1.4. OR Gene mit potentiell funktionstüchtigen Allelen u. nicht funktionstüchtigen Allelen..... | 66 |
| 4.1.5. Anzahl der OR Allele..... | 69 |
| 4.1.6. OR Haplotypen | 69 |
| 4.2. Expressionsanalyse | 72 |
| 4.2.1. Spezifität von OR Sonden..... | 72 |
| 4.2.2. HLA-gekoppelte OR Transkripte in verschiedenen Organen | 78 |
| 4.2.3. <i>In-situ</i> -Hybridisierung | 82 |
| 4.3. Genomische Organisation von ausgewählten HLA-gekoppelten OR Genen | 82 |

| | |
|--|-----|
| 4.3.1. Suche von HLA-gekoppelten OR Transkripten in verschiedenen cDNA Bibliotheken mit Hilfe der radioaktiven Hybridisierung..... | 82 |
| 4.3.2. Suche von HLA-gekoppelten OR Transkripten in verschiedenen cDNA Bibliotheken mit Hilfe von RACE (Rapid Amplification of cDNA Ends)..... | 84 |
| 4.3.2.1. 5' RACE: Primerdesign, PCR und nachfolgende Analyse | 85 |
| 4.3.2.2. Analyse der RACE-Produkte | 86 |
| 4.3.2.3. Genomische Organisation der 5' UTR HLA-gekoppelter OR Gene | 89 |
| 4.3.2.4. 3' RACE: Primerdesign, PCR und nachfolgende Analyse | 92 |
| 4.3.2.5. Ergebnisse der 3' RACE und Länge der gefundenen Transkripte | 93 |
| 4.3.3. Analyse der 3' UTR und der kodierenden Region | 97 |
| 5. Diskussion | 100 |
| 5.1. Polymorphismusanalyse | 100 |
| 5.1.1. OR-Pseudogene | 100 |
| 5.1.2. Aminosäuresubstitutionen innerhalb der ORs | 102 |
| 5.1.3. Definition von Haplotypen..... | 105 |
| 5.2. Vorkommen von HLA-gekoppelten OR Genen bei verschiedenen Säugetieren..... | 106 |
| 5.3. Expression von HLA-gekoppelten OR Genen in verschiedenen Geweben | 108 |
| 5.4. Genomische Organisation der HLA-gekoppelten OR Gene | 110 |
| 5.4.1. Differentielle Polyadenylierung von HLA-gekoppelten OR Genen | 111 |
| 5.4.2. Genomische Organisation der 5' UTR von HLA-gekoppelten OR Genen..... | 112 |
| 5.4.3. Genomische Organisation der 3' UTR und der kodierenden Region von HLA-gekoppelten OR Genen | 114 |
| 5.5. Ausblick | 117 |
| 6. Zusammenfassung | 119 |
| 7. Literaturverzeichnis | 122 |
| 8. Danksagung | 134 |
| 9. Lebenslauf | 136 |

Abbildungsverzeichnis

| | |
|--|----|
| Abb. 1: OR-Familien | 15 |
| Abb. 2: Alignment von 15 HLA-gekoppelten Olfaktorischen Rezeptor Proteinen | 16 |
| Abb. 3: Olfaktorische Signaltransduktion | 17 |
| Abb. 4: Chromosom 6 Ideogramm | 20 |
| Abb. 5: OR Pseudogene in der Nähe des HLA-Komplexes | 63 |
| Abb. 6: Häufigkeit der Mutationen bei allen analysierten HLA-gekoppelten OR Genen | 65 |
| Abb. 7: Alignment von <i>hs6M1-3</i> und -6. | 65 |
| Abb. 8 Alignment von <i>hs6M1-3</i> , -4P, -5P und -6. | 73 |
| Abb. 9: Alignment von <i>hs6M1-12</i> , -13P und -16. | 74 |
| Abb. 10: Hybridisierungsergebnisse eines Southern-Blots | 75 |
| Abb. 11 Autoradiographien von vier exemplarisch ausgewählten Southern-Blots | 76 |
| Abb. 12: Autoradiographien von einem Dot-Blot mit humaner RNA | 80 |
| Abb. 13: Schematische Darstellung der Marathon-Ready™ cDNA Bibliothek | 84 |
| Abb. 14: Schematische Darstellung des Primer-Designs für die 5' RACE | 85 |
| Abb. 15: 5' RACE PCR-Produkte und Autoradiographien | 88 |
| Abb. 16: Autoradiographie eines Blots mit 5' RACE Produkten aus Hoden cDNA | 89 |
| Abb. 17: Schematische Darstellung der 5' UTR von sechs HLA-gekoppelten OR Genen | 91 |
| Abb. 18: Position der genspezifischen 3' RACE Primer | 92 |
| Abb. 19: Alignment der gefundenen <i>hs6M1-21</i> Transkripte | 94 |
| Abb. 20: Alignment der gefundenen <i>hs6M1-16</i> Transkripte | 96 |
| Abb. 21: Schematische Darstellung der Primerposition, um die 3' UTR zu finden. | 97 |
| Abb. 22: Schematische Darstellung der Primerposition für die spezifischen Amplifizierung | 98 |
| Abb. 23: Gefundene Transkripte von <i>hs6M1-27</i> | 98 |
| Abb. 24: Gefundene Transkripte von <i>hs6M1-16</i> . | 99 |

Tabellenverzeichnis

| | |
|--|----|
| Tab. 1: Humane HLA-typisierte Zelllinien | 23 |
| Tab. 2: Primer für die Polymorphismusanalyse | 33 |
| Tab. 3: Äußere genspezifische Primer für die 5' RACE | 33 |
| Tab. 4: Innere genspezifische Primer für die 5' RACE | 34 |
| Tab. 5: Äußere genspezifische Primer für die 3' RACE | 34 |
| Tab. 6: Innere genspezifische Primer für die 3' RACE | 35 |
| Tab. 7: Genspezifische Primer im letzten Drittel der kodierenden Region | 35 |
| Tab. 8: Spezifische Primer in der 5' und 3' UTR | 36 |
| Tab. 9: Plasmidspezifische Oligonukleotide | 36 |
| Tab. 10: OR-cDNA spezifische Primer | 36 |
| Tab. 11: Sequenzoligonukleotide | 37 |
| Tab. 12: Primer für Haushaltsgene | 35 |
| Tab. 13: Sonstige Primer | 37 |
| Tab. 14 : Nukleotid- und Aminosäuresubstitutionen HLA-gekoppelter Pseudogene | 64 |
| Tab. 15: Nukleotid- und Aminosäuresubstitutionen bei OR Genen | 67 |
| Tab. 16: OR Allele und Haplotypen in zehn analysierten Zelllinien | 71 |
| Tab. 17: Autoradiographie-Ergebnisse eines Dot-BLOTS mit humaner RNA | 81 |

Abkürzungsverzeichnis

| | |
|---------------------|---|
| Amp | Ampicillin |
| APS | Ammoniumpersulfat |
| $\alpha^{32}P$ dCTP | Desoxycytidin 5'- [$\alpha^{32}P$] Triphosphat |
| AS | Aminosäure |
| BAC | Bacterial artificial chromosome |
| BL | Burkitt Lymphom |
| BSA | Bovine Serum Albumin (Rinderserumalbumin) |
| CP | Cytoplasmatische Domäne |
| DEPC | Diethylpyrocarbonat |
| DMF | N, N - Dimethylformamid |
| DMSO | Dimethylsulfoxid |
| DNA | Desoxyribonukleinsäure |
| DTE | 1,4-Dithioerythrit |
| DTT | Dithiothreitol |
| EBV | Epstein-Barr-Virus |
| EC | Extrazelluläre Domäne |
| EDTA | Ethyldiamintetraacetat |
| EST | Expressed Sequence Tag (Exprimierter Sequenzabschnitt) |
| EtBr | Ethidiumbromid |
| FA | Formaldehyd |
| FCS | Fötales Kälberserum (Fetal Calf Serum) |
| h | Stunde |
| HBSS | Hanks' Balanced Saltsolution |
| HLA | Human Leukocyte Antigen |
| IRD | Infra Red Dye |
| IPTG | Isopropyl- β -D-Thiogalactopyranosid |
| Kann | Kanamycin |
| M | molar (Mol/Liter) |
| MHC | Major Histocompatibility Complex |
| min | Minute |
| MOE | Olfaktorisches Epithel (Main olfactory epithelium) |
| M-OR | olfaktorischer Rezeptor der MOE-Familie |
| MOPS | Morpholinopropansulfonsäure (Morpholinopropane sulfonic acid) |
| B-EBV | EBV-transformierte B-Zelle |
| OD | Optische Dichte |
| OR | Olfaktorischer Rezeptor |
| PA | Polyacrylamid |
| PAC | P1 derived bacterial artificial chromosome |
| PCR | Polymerasekettenreaktion (Polymerase chain reaction) |
| PMSF | Phenylmethylsulfonylfluorid |
| RACE | Rapid Amplification of cDNA Ends |

| | |
|-------|---|
| RT | Raumtemperatur |
| sek | Sekunde |
| SDS | Natriumdodecylsulfat |
| SSC | Standard Saline Citrat (Citrat gepufferte Salzlösung) |
| TEMED | N, N, N', N'-Tetramethylethylendiamin |
| TM | Transmembran Domäne |
| TRIS | Tris (hydroxymethyl) aminomethan |
| ÜN | über Nacht |
| UTR | untranslatierte Region (untranslated region) |
| VNO | Vomeronasalorgan |
| V1R | Rezeptor der VNO-1 Familie |
| V2R | Rezeptor der VNO-2 Familie |
| V3R | Rezeptor der VNO-3 Familie |
| X-GAL | 5-Brom-4-Chlor-3-Indolyl-β-D-Galactopyranosid |