

Identifizierung differentiell exprimierter Gene in Tumoren der Prostata und Harnblase

Dissertation
zur Erlangung des Doktorgrades
am Fachbereich Biologie, Chemie, Pharmazie
der Freien Universität Berlin

eingereicht von
Christoph Wissmann
aus Hamburg
April 2002

Erster Gutachter: Prof. Dr. Volker A. Erdmann
Zweiter Gutachter: Prof. Dr. André Rosenthal

Disputationstermin 19.12.2002

1. Einleitung	1
1.1 Epidemiologie und Diagnostik des Prostatakarzinoms	2
1.1.1 Molekulare Grundlagen des Prostatakarzinoms	3
1.1.2 Histopathologische Klassifizierung und Behandlung von Prostatatumoren	6
1.2 Überblick über das Harnblasenkarzinom	7
1.3 Wnt- und Ras-Signaltransduktionswege	9
1.4 Auswahl von Methoden zur Bestimmung der differentiellen mRNA-Expression	11
1.4.1 Northern Hybridisierungen.....	11
1.4.2 Quantitative-PCR.....	12
1.4.3 Hoch-Durchsatz Expressionsuntersuchungen durch Affymetrix Oligonukleotidchips	13
1.4.4 <i>In silico</i> Methoden	15
2. Zielsetzung	16
3. Material und Methoden	17
3.1 Puffer und Lösungen	17
3.1.1 Zelllinien.....	18
3.2 Plasmidisolierung	18
3.3 DNA und RNA Quantifizierung mit PicoGreen bzw. RiboGreen	19
3.4 Sequenzierung	19
3.5 Isolierung von spezifischen BAC-Klonen	21
3.6 Northern Hybridisierung	22
3.6.1 Sondenherstellung	22
3.6.2 Konzentrationsreihe von DNAs auf Membranen	23
3.6.3 Sondenmarkierung und Aufreinigung	23
3.6.4 Hybridisierung der Membranen.....	24
3.6.5 Waschen der Membranen	24
3.7 Mikrodissektion	25
3.7.1 Auswahl des Patientenkollektivs zur Expressionsuntersuchung von Prostatatumoren.....	25
3.7.2 Durchführung der manuellen Mikrodissektion	25
3.8 Poly-A⁺-RNA Präparation	26
3.8.1 RNA Präparation aus Gewebeproben	26
3.8.2 RNA Präparation aus Zellkultur	27

3.9	cDNA Synthese	27
3.9.1	Erststrangsynthese aus isolierter Poly-A ⁺ -RNA	27
3.9.2	cDNA Synthese für Taqman Untersuchungen.....	28
3.9.3	cDNA Synthese aus cRNA.....	28
3.9.4	Zweitstrangsynthese	30
3.9.5	Reinigung von cDNA	30
3.9.6	Lineare Amplifikation von cDNA durch <i>in vitro</i> Transkription (IVT).....	30
3.9.7	Aufreinigung der cRNA	31
3.10	Affymetrix Chipexperimente	32
3.10.1	Lösungen für Affymetrix Chipexperimente.....	34
3.11	Quantitative „TaqManTM“ PCR	35
3.11.1	Vergleichende C _T -Methode	36
3.12	LOH-Untersuchung	37
3.12.1	Extraktion genomischer DNA aus den Überständen der RNA-Extraktion.....	37
3.12.2	LOH-PCR.....	38
3.12.3	Post-PCR-Markierung und Produktaufreinigung.....	39
3.12.4	LOH Auswertung	40
3.13	<i>In silico</i> Analysen	41
3.13.1	BLAST Programme.....	41
3.13.2	Automatische Verlängerung von Sequenzen (Autex).....	41
3.13.3	e-Northern.....	42
3.14	Proteinchemische Methoden	43
3.14.1	Expression der klonierten Ponsinfragmente	43
3.14.2	Diskontinuierliche SDS-Polyacrylamid-Gelelektrophorese	43
3.14.3	Peptidantikörper.....	44
3.14.4	Beladung von Membranen mit unterschiedlichen Protein-konzentrationen.....	45
3.14.5	Western-Hybridisierung	45
3.14.6	Immunzytochemie	46
3.14.7	Immunhistochemie	47
4.	<i>Ergebnisse</i>	48
4.1	Affymetrix Chipauswertung von 54 Patienten mit Prostatumoren und Prostatazelllinien	48
4.1.1	Auswahl von Kandidatengen mit einer Herunterregulation in Prostatumoren.....	52
4.1.2	Vergleich der Genexpression in Patientenmaterial und Zelllinien von Prostatumoren.....	53
4.2	Analyse an Hand des Expressionsprofils ähnlich gruppierter Versuche und Gene	56
4.2.1	Genanalyse der Gruppierungen	61

4.3 Kandidatengene aus dem Wnt-Signalweg.....	63
4.3.1 Wnt Inhibitory Factor 1 (WIF-1).....	63
4.3.2 Secreted frizzled related protein 1 (sFRP1).....	69
4.4 Chimerin-1, ein Kandidatengene aus dem Ras-Signalweg.....	75
4.4.1 Expression von Chimerin-1 in der Prostata.....	76
4.4.2 Elektronischer Northern von Chimerin-1.....	77
4.4.3 Expression von Chimerin-1 in verschiedenen Normalgeweben und Zelllinien.....	78
4.5 Kandidatengene Ponsin.....	79
4.5.1 Expression von Ponsin in der Prostata.....	80
4.5.2 Elektronischer Northern und Expressionsvalidierung in der Harnblase.....	82
4.5.3 Expression von Ponsin in verschiedenen Normal- und Tumorgeweben.....	83
4.5.4 LOH auf Chromosom 10q in Prostatatumoren.....	85
4.5.5 Untersuchung der Region zwischen den Markern D10S1723 und D10S212.....	89
4.5.6 Proteinchemische Untersuchungen.....	90
5. Diskussion.....	93
5.1 Methodische Aspekte der Expressionsuntersuchung von Prostatageweben.....	93
5.2 Clusteranalyse der Expressionsprofile von Prostatanormal- und tumorgewebe.....	96
5.3 Auswahl von herunterregulierten Genen in Tumoren der Prostata.....	100
5.3.1 Mögliche tumorsupprimierende Rolle der Regulatoren WIF-1 und sFRP1 des Wnt-Signalweges ..	101
5.3.2 Chimerin-1, funktionelles Homolog des NF-1, zeigt eine deutliche Herunterregulation in Prostatatumoren.....	106
5.3.3 Ursachen der differentiellen Expression von Ponsin in Chiphybridisierungen von manuell mikrodissiziertem Gewebe.....	108
6. Zusammenfassung.....	111
7. Summary.....	113
8. Literatur.....	115
9. Anhang.....	127
9.1 Histologie der 54 untersuchten Prostatagewebebeare.....	127
9.2 Danksagung.....	129
9.3 Lebenslauf.....	130
9.4 Erklärung.....	131

Abkürzungsverzeichnis

3-AT	3-Aminotriazol
A	Adenin
Abb.	Abbildung
Amp	Ampicillin
APS	Ammoniumpersulfat
ATP	Adenosin-5'-triphosphat
β -Gal	β -Galactosidase
BLAST	Basic Local Alignment Search Tool
bp	Basenpaar
BSA	Bovine Serum Albumin (Rinderserumalbumin)
C	Cytosin
$^{\circ}$ C	Grad Celsius
Ca	Calcium
CEN	Centromer
cDNA	complementary DNA
cRNA	complementary RNA
CDS	Coding DNA Strang
DAG	Diacylglycerol
ddNTP	2',3'-Dideoxy-nukleosid-5'-triphosphat
DEPC	Diethylpyrocarbonat
dH ₂ O	deionisiertes Wasser
DMF	N,N-Dimethylformamid
DMSO	Dimethylsulfoxid
DNA	Desoxyribonucleic Acid
DNase	Desoxyribonuklease
DTT	Dithiothreitol (1,4-Dithiol-2,3-dihydroxybutan)
dNTP	Desoxynukleosidtriphosphat
DTE	1,4-Dithioerythritol
EDTA	Ethylendiamintetraacetat
EST	Expressed Sequence Tag
<i>E. coli</i>	<i>Escherichia coli</i>
G	Guanin
g	Erdbeschleunigung
GAP	GTPase-aktivierendes Protein
GAPDH	Glycerinaldehyd-3-phosphat-Dehydrogenase
H ₂ O	Wasser
h	Stunde
HAc	Essigsäure
kb	Kilobasenpaar
kDa	Kilodalton
LB	Luria-Bertani
LOH	Loss of Heterozygosity
Mg	Magnesium
Min.	Minute
mM	Millimolar
MM	Mismatch (Affymetix: umgekehrt komplementäres Oligo mit einem Mismatch in der Mittelposition)

MMLV	Moloney Murine Leukemia Virus
MOPS	1(3-(N-Morpholino)propansulfonsäure)
mRNA	messenger RNA
NCBI	National Center for Biotechnology Information
OD	Optische Dichte
Oligo d(T)	Oligo Desoxythymidin
PBS	Phosphate-gepufferte Salzlösung
PCR	Polymerase Chain Reaction (Polymerase-Kettenreaktion)
PEG	Polyethylenglykol
PM	Perfect Match (Affymetix: umgekehrt komplementäres Oligo)
PMSF	Phenylmethylsulfonylfluorid
Poly A ⁺ -RNA	Polyadenylierte RNA
RNA	Ribonukleinsäure
RNase	Ribonuclease
rpm	„round per minute“, Umdrehungen pro Minute
rRNA	ribosomale RNA
RT	Raumtemperatur
SDS	Natruimdodecylsulfat
SDS-PAGE	SDS-Polyacrylamid-Gelelektrophorese
s	Sekunde
SH2-Domäne	Src-Homolog-2 Domäne
SSC	Saline Sodium Chloride
SSCP	Single Strand Conformation Polymorphism
SV 40	Simian Virus 40
T	Thymin
Tab.	Tabelle
TAE	Tris-Acetat-EDTA Puffer
TBS	Tris-gepufferte Salzlösung
TCC	Transitional Cell Carcinoma
TE	Tris-EDTA Puffer
TEMED	N, N, N', N'-Tetramethylethylendiamin
T _m	Schmelztemperatur
Tris	Tris(hydroxymethyl)methylglycin
Triton X-100	t-Oktylphenoxypolyethanol
U	Einheit (enzymatische Aktivität)
UTR	Untranslatierte Region
UV	Ultraviolett
V	Volt
wt	Wildtyp
x-Gal	5-Brom-4-chlor-3-indolyl-β-D-galactopyranosid