

6.0. Zusammenfassung

Die vorliegende Arbeit untersucht die nebenhodenspezifische Genexpression beim Hund. Als Ausgangspunkt dieser Arbeit zur Identifizierung und Charakterisierung nebenhodenspezifischer Proteine stand die Isolierung ihrer mRNAs. Im humanen Nebenhoden waren fünf nebenhodenspezifische Transkripte, benannt mit HE 1 - HE 5 (Human Epididymis) bekannt; ihre cDNAs dienten in der vorliegenden Arbeit als Sonden zur Detektierung homologer caniner epididymaler Transkripte.

Es wurde epididymale Gesamt-RNA verschiedener Hunderassen für die Northern Blot Analysen eingesetzt.

Rassespezifische Genexpressionsunterschiede caniner Transkripte konnten anhand der Northern Blot Analysen nicht festgestellt werden.

Homologe Transkripte zu HE 1, HE 4 und HE 5 wurden im caninen Nebenhoden nachgewiesen und entsprechend mit CE 1, CE 4 und CE 5 bezeichnet (Canine Epididymis).

Es wurde eine canine epididymale cDNA-Bibliothek angelegt, aus der mit Hilfe von HE 1-, HE 4- und HE 5-Gensonden die entsprechenden caninen Homologen isoliert und anschließend sequenziert wurden.

Für die CEs konnte eine ca. 10fach höhere Genexpression als für die HEs, bezogen auf die canine bzw. humane epididymale Gesamttranskription, nachgewiesen werden.

Es wurde gezeigt, daß die cDNAs von HE 1, HE 4 und HE 5 und die cDNAs von CE 1, CE 4 und CE 5 gleiche Strukturen besitzen: jede cDNA zeigt in ihrem kodierenden Bereich eine Signalpeptidsequenz und eine Sequenz für das reife Peptid. CE 5 und HE 5 weisen noch zusätzlich eine Sequenz für das GPI-Anker Signal auf. Die hohen Homologien auf Nukleinsäure- und putativer Proteinebene der jeweils homologen caninen und humanen cDNA bestehen dem Anspruch, als Grundlage für ein zu schaffendes experimentelles Modellsystem zu dienen, das Aufschluß über epididymale Funktionen, auch im humanen Nebenhoden geben soll.

Kerstin Ellerbrock

Epididymis-specific gene expression in the dog

6.0. Summary

In this thesis epididymis-specific gene expression is analysed in the dog. To identify and characterize epididymis-specific proteins, their respective mRNAs were isolated. Five epididymal transcripts had already been isolated in the human epididymis and were named HE 1 - HE 5 (Human Epididymis). The cDNAs of these transcripts were used as probes to identify their respective canine homologues.

In northern blot analyses with total epididymal RNAs of various dog breeds, differences in gene expression between the breeds could not be found.

Homologous transcripts to HE 1, HE 4 and HE 5 were found in the canine epididymis and were correspondingly named CE 1, CE 4 and CE 5 (Canine Epididymis).

A cDNA library of canine epididymis was constructed and screened with cDNA-probes for HE 1, HE 4 and HE 5. The canine homologues were isolated and sequenced.

Gene expression of the CEs revealed to be about 10fold higher than that of the corresponding HEs, in regard to total transcription in canine or human epididymis.

It could be shown that the cDNAs of HE 1, HE4, HE 5 and the cDNAs of CE 1, CE 4, CE 5 have the same structure: every cDNA has in the coding region a sequence for the signalpeptide and a sequence for the mature peptide. CE 5 and HE 5 have in addition a sequence for the GPI-anchoring signal.

The sequencing results revealed expected homologies on the nucleotide and the deduced amino acid sequence levels between the canine and human epididymal transcripts analyzed. These results support the epididymis of the dog to be used as a

suitable experimental model system with regard to epididymal function also in humans.