

Räumliches und zeitliches Expressionsmuster verschiedener Transkriptionsfaktoren und deren Bedeutung für die Regulation von Connexinen in der Prä- und frühen Postimplantationsphase der Maus

N.M. Ising, Medizinische Fakultät der Universität Duisburg-Essen, Institut für Anatomie

Bei vielen Säugetieren sind von der befruchteten Eizelle bis zum lebensfähigen Organismus Differenzierungsschritte notwendig. Hierbei müssen sich u. a. die extraembryonalen Gewebe bis zur funktionstüchtigen Plazenta differenzieren, um dem Lebewesen die Ernährung und somit auch die Differenzierung zu ermöglichen. Einen wesentlichen Anteil an diesen Differenzierungsvorgängen sowohl der extraembryonalen als auch der embryonalen Gewebe haben die Connexine. Bisher ist nur wenig darüber bekannt, welchen Regulationsmechanismen die Connexine unterliegen. So ist z.B. die durch zellspezifische Transkriptionsfaktoren mögliche Regulation des „sorting out“ der Connexine zu Beginn der Postimplantationsphase nicht geklärt.

In der hier vorliegenden Arbeit wurden zur Herausarbeitung einer möglichen Korrelation die Expressionsmuster der Connexine 31 und 43 mit denen der Transkriptionsfaktoren GATA-2, GATA-3, Esx1 und Pem mittels der nichtradioaktiven in situ Hybridisierung vom Blastozystenstadium bis zum Tag 10.5pc am Beispiel der Maus verglichen.

Im Blastozystenstadium wurde die mRNA der Transkriptionsfaktoren und ebenso die der Connexine übereinstimmend im Trophektoderm und in der inneren Zellmasse exprimiert. In der Postimplantationsphase beschränkte sich die Expression von Cx31 auf die Derivate des Trophektoderms, die von Cx43 auf die von der inneren Zellmasse abstammenden Gewebe. Keiner der hier untersuchten Transkriptionsfaktoren zeigte so deutlich ein „sorting out“ wie Cx31 und Cx43. Eine Korrelation zeigte sich bei ähnlichem Expressionsmuster für GATA-2 sowie GATA-3 und Cx43. In Anbetracht einer in der Literatur dargestellten gemeinsamen Funktion bei der Neurogenese als auch Hämatopoese kann eine Regulation von Cx43 durch GATA-2 und/ oder GATA-3 nicht ausgeschlossen werden. Auszuschließen ist hingegen eine Regulation von Cx43 durch Pem, da sich die Expression von Pem ausschließlich in den Derivaten des Trophektoderms nachweisen lässt. Eine Regulation von Cx31 durch Pem ist unter Beteiligung anderer Transkriptionsfaktoren, z.B. Esx 1 vorstellbar. Aufgrund einer bei den Untersuchungen von Esx1 aufgetretenen Kreuzreaktion lässt sich hierzu keine sichere Aussage machen. Zusammenfassend zeigt die Arbeit, dass sich lediglich Pem als regulierender Transkriptionsfaktor für Cx43 ausschließen lässt. Eine Beteiligung der anderen untersuchten Transkriptionsfaktoren an der Regulation der hier betrachteten Connexine lässt sich nur vermuten.