

# RNA-Quantifizierung mittels qPCR

Thorsten Enge      David Maruhn

15. Juni 2024

## Inhaltsverzeichnis

<b>1</b>	<b>Einleitung</b>	<b>2</b>
<b>2</b>	<b>Materialien und Methoden</b>	<b>2</b>
<b>3</b>	<b>Durchführung</b>	<b>2</b>
<b>4</b>	<b>Ergebnisse</b>	<b>2</b>
<b>5</b>	<b>Diskussion</b>	<b>2</b>
<b>6</b>	<b>Schlussfolgerung</b>	<b>2</b>

## 1 Einleitung

Während bei der DNA-Analytik untersucht wird, ob eine bestimmte DNA-Sequenz auf dem Genom vorhanden ist, wird bei der RNA-Analytik untersucht, ob und wie stark ein bestimmtes Gen transkribiert wird. Das Vorhandensein eines Gens auf dem Genom bedeutet nicht zwangsläufig, dass dieses Gen auch transkribiert wird. Mechanismen wie die DNA-Methylierung, die Histonmodifikation, Transkriptionsfaktoren und Enhancer bzw. Silencer beeinflussen die Transkription eines Gens. Die durch die Analyse der RNA kann einerseits das Vorhandensein eines Gens auf dem Genom bestätigt werden, andererseits kann durch die quantifizierung Rückschlüsse auf die Transkriptionsrate gezogen werden und somit auf die Aktivität des Gens. Das nichtvorhandensein einer RNA bedeutet nicht zwangsläufig, dass das Gen nicht auf dem Genom vorhanden ist, sondern dass es nicht transkribiert wird.

## 2 Materialien und Methoden

### Zellkulturen

Für die RNA-Isolation wurden die Zelllinien HEK293T und A375 verwendet. Beide Zellkulturen

### HEK293T

### A375

## 3 Durchführung

## 4 Ergebnisse

Messung	Wert1	Wert2
1	10	20
2	30	40

Tabelle 1: Beispieltabelle

## 5 Diskussion

## 6 Schlussfolgerung