

Studienziel

In einem klinisch relevanten Modell des akuten Lungenversagens an Ratten sollen die Auswirkungen verschiedener Beatmungsformen auf die funktionelle Genexpression im Lungengewebe untersucht werden. Darüber hinaus werden molekularbiologische, histologische und atemmechanische Parameter bestimmt.

Studiendesign

Randomisierte, kontrollierte tierexperimentelle Studie

- Gesunde Kontrolltiere (n=8)
- Konventionelle volumenkontrollierte Beatmung (n=8)
- Variable volumenkontrollierte Beatmung (n=8)

- Induktion eines akuten Lungenversagens durch intratracheale Salzsäureapplikation
- Therapiedauer: 4 Stunden
- Primärer Endpunkt: Funktionelle Genexpression im Lungengewebe
- Sekundäre Endpunkte: Inflammatorische Reaktion in der bronchoalveolären Lavageflüssigkeit, Lungenmechanik und Gasaustausch, Histologische Lungenschädigung, Alveoläres Ödem
- Gesamtprojektdauer: 12 Monate

Hypothesen

- Es ist zu erwarten, dass sich konventionelle und variable Beatmungsstrategien hinsichtlich der Genexpressionsmuster im Lungengewebe unterscheiden.
- Anhand der Expressionsprofile lassen sich Aussagen über die Pathogenese beatmungsinduzierter Lungenschäden treffen.

Methoden

- Hämodynamische und respirationsphysiologische Messmethoden
- Histologische Bewertung von Zellen und Geweben
- Next Generation Sequencing
- Realtime-PCR
- ELISA

Erwartungen an unsere Doktoranden

Als international und interdisziplinär besetzte Arbeitsgruppe erwarten wir von unseren Doktoranden gute Englischkenntnisse und ein hohes Maß an persönlichem Einsatz.

Wir bieten innerhalb der Pulmonary Engineering Group eine strukturierte wissenschaftliche Ausbildung mit individueller persönlicher Betreuung. Neben der methodischen Weiterbildung finden regelmäßige Journal Clubs zu Themen aus der Anästhesie und Intensivmedizin statt.

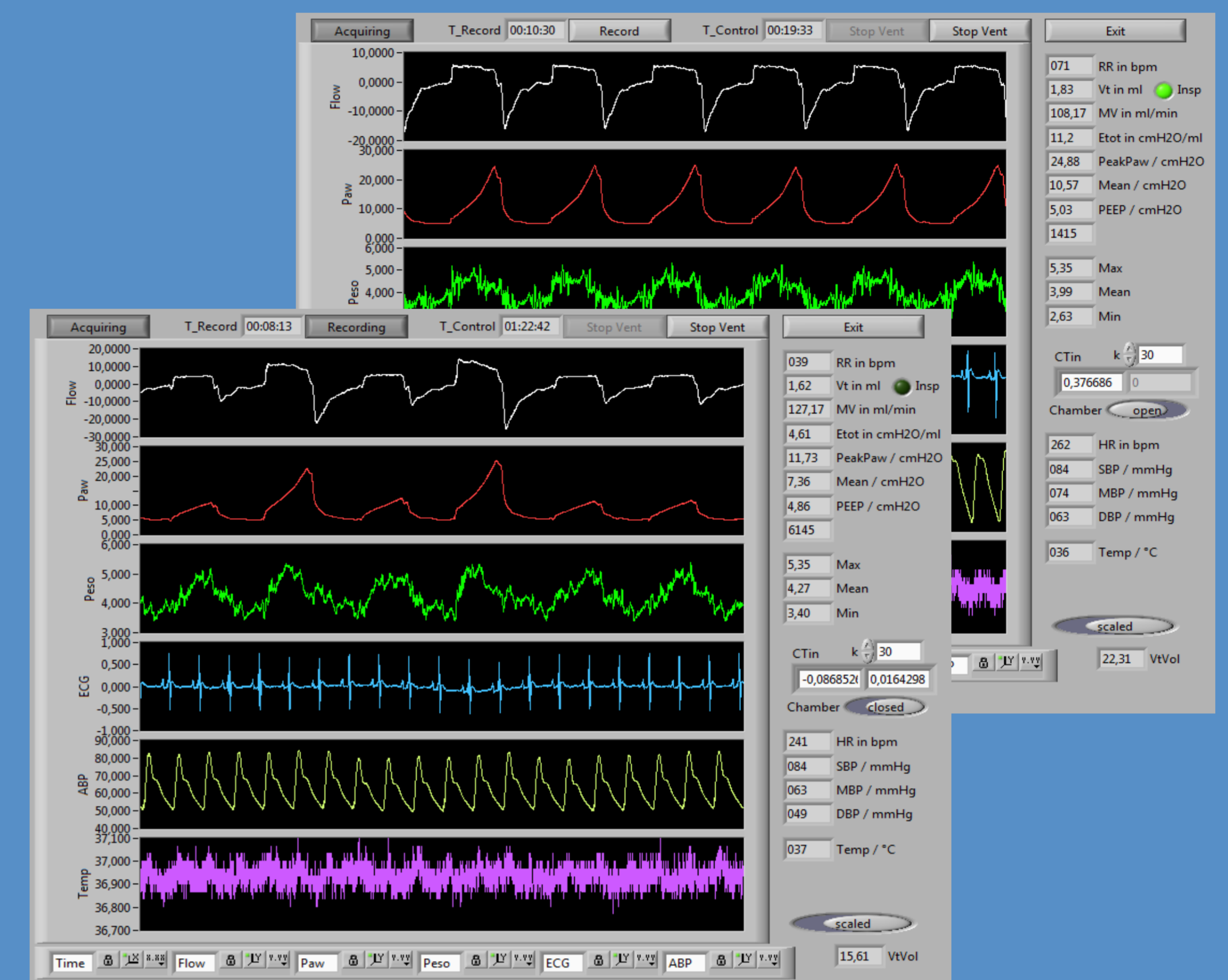


Abb. 1: Fluss- und Volumenkurven bei variabler und konventioneller Beatmung.



Abb. 2: Kleintierarbeitsplatz in den Räumen des Experimentellen Zentrums im MTZ

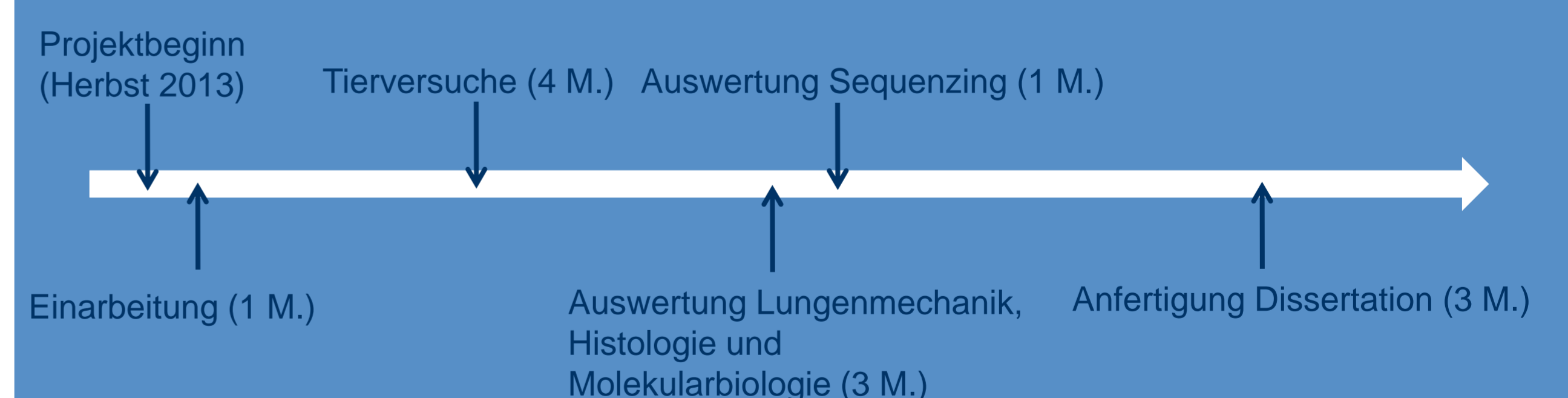


Abb. 3: Meilensteine des Projektverlaufs

Projektmitarbeiter:

- Dr. Peter Spieth
- Dr. Thomas Bluth
- Dr. Ines Rentzsch
- Dipl. Ing. Robert Huhle

Kooperationspartner:

- Prof. Dr. Michael Kasper, Anatomie TU Dresden
- Dr. Andreas Dahl, Deep Sequencing Group, Biotec / CRTD, Dresden
- Prof. Dr. Ingo Röder, IMB, Dresden
- Prof. Dr. Haibo Zhang, University of Toronto, Canada
- Prof. Dr. Claudia dos Santos, University of Toronto, Canada