

Auswirkungen von Magnetfeldern auf das Proteom menschlicher Zellen: Eine Pilot- und Machbarkeitsstudie

Typ: Fallstudie

Eingereicht: 22. Juli 2025

Veröffentlicht: 4. Oktober 2025

Zitation:

Santos Silva, I., et al.
„Auswirkungen von
Magnetfeldern auf das Proteom
menschlicher Zellen: Eine Pilot-
und Machbarkeitsstudie.“
PriMera Scientific Medicine and
Public Health 7.4 (2025): 03-
16.

Copyright:

© 2025 Inês Santos Silva., et al.
Dies ist ein Open-Access-Artikel,
der unter der Creative Commons
Attribution License
veröffentlicht wurde. Diese
erlaubt uneingeschränkte
Nutzung, Verbreitung und
Reproduktion in jedem Medium,
sofern die Originalquelle
ordnungsgemäß zitiert wird.

**Inês Santos Silva¹ *, Michael Hollmann², Mia Potocnjak³, Moritz Voelker-
Albert³, Ingrid Nolting², Luísa Soares⁴ und Frank Schifferdecker-Hoch^{1,2}**

¹ 2256c.health Unipessoal LDA, Lisbon, Portugal

² FPZ GmbH, Cologne, Germany MOLEQLAR

³ Analytics GmbH, Munich, Germany

⁴ Universidade da Madeira, Funchal, Portugal

***Korrespondenzautor:** Inês Santos Silva, 2256c.health Unipessoal LDA, Lisbon, Portugal.

Abstract

Hintergrund: Magnetfeldtherapien haben aufgrund ihres nicht-invasiven Potenzials, biologische Prozesse zu modulieren, zunehmend an Aufmerksamkeit gewonnen. Dennoch sind die zugrunde liegenden molekularen Mechanismen bislang nur unzureichend verstanden, insbesondere auf der Proteom-Ebene.

Zielsetzung: Diese Pilotstudie hatte das Ziel zu untersuchen, ob eine kurzzeitige Exposition gegenüber niedrfrequenten Magnetfeldern das Proteom-Profil menschlicher Mundschleimhautzellen beeinflusst und ob die methodologische Machbarkeit besteht, solche Zellen als Monitoring-Tool zu verwenden.

Methodik: Neun Probanden wurden zufällig entweder einer Kontrollgruppe (n = 3) oder einer Interventionsgruppe (n = 6) zugeordnet. Die Interventionsgruppe wurde fünf Tage lang täglich der Vitori-Matte ausgesetzt (7,83 Hz Schumann-Frequenz). Mundschleimhautproben wurden vor und nach der Intervention sowie in einer Nachuntersuchung drei Tage nach Ende der Anwendung entnommen. Die Proben wurden mittels LC-MS/MS analysiert, unter Verwendung einer Data-Independent Acquisition (DIA)-Workflow, und mit DIA-NN (1.9) verarbeitet. Die statistischen Vergleiche erfolgten über den Wilcoxon-Rangsummentest und den Friedman-Test.

Ergebnisse: Insgesamt zeigten 108 Proteine signifikante Unterschiede zwischen den Gruppen nach der Exposition ($p < 0,05$), wobei 67 Proteine innerhalb der Interventionsgruppe signifikante zeitabhängige Veränderungen aufwiesen. Dreizehn Proteine waren in beiden Vergleichen beteiligt und stehen in Zusammenhang mit Immunregulation, Zellproliferation und Stressreaktionen. Eine Hauptkomponentenanalyse zeigte teilweise reversible proteomische Verschiebungen nach einer kurzen Expositionssphase.

Schlussfolgerung: Die Studie bestätigt die biologische Reaktionsfähigkeit menschlicher Mundschleimhautzellen auf Magnetfeldexposition und die Machbarkeit, nicht-invasive Zellproben mit hochauflösender Proteomanalyse zu kombinieren. Die Ergebnisse stützen weitere Untersuchungen der molekularen Mechanismen magnetischer Feldtherapien sowie die Entwicklung minimal-invasiver Monitoring-Methoden.

Schlüsselwörter: Magnetfeldexposition; Proteomik; Elektromagnetische Felder; Mundschleimhautzellen; Nicht-invasiver Biomarker; Schumann-Frequenz; Immunantwort

Einleitung

Die therapeutische Anwendung elektromagnetischer Felder (EMFs), insbesondere in Form von niederfrequenten oder gepulsten elektromagnetischen Feldern (PEMFs), hat aufgrund ihrer nicht-invasiven Natur und ihres breiten Potenzials in verschiedenen medizinischen Bereichen zunehmend an Bedeutung gewonnen [2]. Zu diesen Anwendungen gehören die Förderung der Geweberegeneration, die Linderung chronischer Schmerzen, die Behandlung von Stimmungserkrankungen wie Depressionen, die Verbesserung des Schlafs sowie die Modulation von Entzündungsprozessen und der Durchblutung [3-7]. Klinisch haben EMFs als alternative oder ergänzende Behandlungen zu pharmakologischen und physikalischen Therapien vielversprechende Ergebnisse gezeigt, wobei kontrollierte Studien eine Symptomverbesserung bei muskuloskeletalen [4, 8], neurologischen [6] und kardiovaskulären Erkrankungen [8] nachgewiesen haben. Die einfache Anwendung und das günstige Sicherheitsprofil von EMF-basierten Therapien unterstützen zudem ihre zunehmende Nutzung in klinischen Umgebungen.

Trotz vielversprechender klinischer Beobachtungen und jahrzehntelanger Forschung bleiben die molekularen und zellulären Mechanismen, durch die elektromagnetische Felder (EMFs) ihre Wirkung entfalten, weitgehend unklar und unzureichend erforscht. Während sich viele Studien auf Symptome oder Genexpression konzentrieren, werden proteomische Veränderungen und andere molekulare Indikatoren der EMF-Wirkung häufig übersehen. Frühe experimentelle und klinische Erkenntnisse deuten darauf hin, dass EMFs die Zellkommunikation, Proliferation, Genexpression, Entzündungssignale, Proteinsynthese und sogar neuroendokrine Funktionen beeinflussen können [5, 6, 8, 9]. Insbesondere niederfrequente und gepulste EMFs – wie solche in der Schumann-Resonanzfrequenz (7,83 Hz) – haben das Potenzial gezeigt, die Geweberegeneration zu verbessern, Immunantworten zu modulieren und die Durchblutung sowie Entzündungsprozesse zu beeinflussen [7], [10]. Diese Frequenz entspricht der natürlichen elektromagnetischen Resonanz der Erde, die in Wechselwirkung mit neuronalen und zirkadianen Oszillationen im Menschen stehen kann [11, 12]. Über die organ-spezifischen Effekte hinaus wurden extrem niederfrequente EMFs auch mit der Modulation menschlicher Gehirnaktivität in Verbindung gebracht, einschließlich elektroenzephalografischer Muster, Schmerzwahrnehmung und Stimmungsregulation [13, 9, 14, 11]. Diese ultraniederfrequenten Felder können neuronale Oszillationen und die Dynamik des zentralen Nervensystems beeinflussen, was auf eine stärkere Resonanz zwischen menschlicher Physiologie und elektromagnetischen Signaturen der Umwelt hinweist [15, 16]. Nichtsdestotrotz unterstreichen Inkonsistenzen über verschiedene Studien hinweg – häufig verursacht durch Variabilität in Feldstärke, Frequenz, Expositionsdauer, Gewebetyp und Populationsheterogenität – den dringenden Bedarf an strengeren, standardisierten molekularen Untersuchungen, um EMF-Mechanismen besser zu verstehen.

Proteomisches Profiling bietet einen vielversprechenden Ansatz, um die zellulären Reaktionen auf EMF-Exposition auf Systemebene zu charakterisieren. Menschliche Mundschleimhautzellen stellen ein praktisches, minimal-invasives Modell zur Überwachung systemischer molekularer Effekte dar [17, 18]. Daher zielte diese Pilotstudie darauf ab, zu untersuchen, ob magnetische Feldexposition das humane Zellproteom verändert und die zugrunde liegenden biologischen Signalwege beeinflusst.

Trotz wachsendem Forschungsinteresse bleiben die genauen molekularen Signalwege, die durch elektromagnetische Felder beeinflusst werden, insbesondere auf Proteomebene beim Menschen, weitgehend unerforscht. Frühere Studien konzentrierten sich hauptsächlich auf funktionelle Ergebnisse oder Genexpressionsanalysen bei Depressionen, zeigten jedoch nur begrenzte proteomische Befunde, die meist geringe oder inkonsistente proteinbasierte Veränderungen zeigten [19-21].

Angesichts des zunehmenden klinischen und mechanistischen Interesses an EMF-Effekten besteht ein kritischer Forschungsbedarf, wie magnetische Felder den menschlichen Proteomstatus beeinflussen – insbesondere durch zugängliche biologische Proben wie Mundschleimhautzellen –, um die zugrunde liegenden biologischen Mechanismen EMF-basierter Therapien besser zu verstehen.

Diese Pilotstudie adressiert diese Forschungslücke, indem sie systematisch proteomische Veränderungen in menschlichen Mundschleimhautzellen nach kurzzeitiger Exposition gegenüber der Vitor-Matte [22] untersucht, die Magnetfelder in der Schumann-Frequenz (7,83 Hz) erzeugt. Unter Verwendung von hochauflösender LC-MS/MS-Analyse und nichtparametrischer Statistik zielt die Studie darauf ab, die biologischen Mechanismen elektromagnetischer Feldtherapien zu erforschen und die Machbarkeit zu bewerten, proteomische Biomarker zur Überwachung EMF-induzierter molekularer Reaktionen zu verwenden.

Die Hauptziele waren: (1) zu bestimmen, ob die Exposition konsistente und messbare Veränderungen im Proteom der Mundschleimhautzellen bewirkt, (2) zu identifizieren, welche biologischen Signalwege am stärksten betroffen sind, und (3) zu bewerten, ob diese proteomischen Veränderungen nach einer kurzen Ruhephase bestehen bleiben. Konkret befasst sich diese Studie mit den folgenden Forschungsfragen: Führt die Exposition gegenüber Magnetfeldern zu messbaren Veränderungen im Proteomprofil menschlicher Mundschleimhautzellen? Welche biologischen Signalwege sind am stärksten von der Magnetfeldexposition auf Proteomebene betroffen? Bleiben die beobachteten proteomischen Veränderungen nach Beendigung der EMF-Exposition bestehen?

Wir stellen die Hypothese auf, dass die Exposition gegenüber Magnetfeldern signifikante Veränderungen im Proteom-Profil menschlicher Mundschleimhautzellen hervorruft, insbesondere im Zusammenhang mit der Regulation des Immunsystems und metabolischen Signalwegen. Einige dieser Effekte könnten über die unmittelbare Expositionssphase hinaus anhalten.

Diese Arbeit stellt einen wichtigen Schritt dar, um die biologischen Mechanismen zu erforschen, die elektromagnetischen Feldtherapien zugrunde liegen, und zwar mittels proteomischer Analysen. Durch den Einsatz eines neuartigen Ansatzes, bei dem Mundschleimhautzellen von menschlichen Teilnehmern (mithilfe des Epi-Proteomics-Testkits von MOLEQLAR Analytics [23]) untersucht wurden, soll die Machbarkeit der Erfassung molekularer Reaktionen auf Magnetfeldexposition überprüft werden.

Dabei sollen entscheidende biologische Signalwege identifiziert werden, die von solchen Feldern beeinflusst werden könnten.

In den folgenden Abschnitten werden relevante Forschungsarbeiten sowie die in dieser Pilotstudie angewandte Methodik vorgestellt. Anschließend werden die proteomischen Ergebnisse zusammengefasst und deren Bedeutung für die Weiterentwicklung molekularer EMF-Forschung diskutiert — insbesondere im Hinblick auf zukünftige Validierungsstudien und die Entwicklung gezielter therapeutischer Protokolle.

Hintergrund

Die Zusammenhänge zwischen elektromagnetischen Feldern (EMF) und biologischen Systemen haben in den letzten Jahrzehnten zunehmend Aufmerksamkeit erlangt, insbesondere im Hinblick auf ihre therapeutische medizinische Anwendung [24–26].

Bassett's [27] Arbeiten waren entscheidend für die Etablierung einer validen Behandlung von Pseudarthrosen unter Verwendung gepulster elektromagnetischer Felder (PEMF) und legten damit den Grundstein für das Gebiet der Magnetotherapie.

Ebenso zeigten Aaron, Ciombor und Simon [28], dass elektrische und elektromagnetische Felder die Knochenheilung in orthopädischen Kontexten wirksam stimulieren können.

Diese frühen Studien schufen die Grundlage für den Einsatz von EMF in der klinischen Praxis, insbesondere in der muskuloskeletalen Rehabilitation.

Pall lieferte weitere mechanistische Erkenntnisse [29], indem er vorschlug, dass EMF ihre biologischen Effekte hauptsächlich durch die Aktivierung spannungsgesteuerter Kalziumkanäle (VGCCs) entfalten, was nachgeschaltete Kaskaden oxidativen Stresses, Stickoxid-Synthese und Entzündungsreaktionen auslöst.

Dieses auf VGCCs basierende Modell bietet eine einheitliche Hypothese zur Erklärung sowohl der positiven als auch der potenziell negativen EMF-Effekte, die in unterschiedlichen Geweben beobachtet werden.

Über orthopädische Anwendungen hinaus lieferte Markov [24] eine umfassende Übersicht über PEMF-Therapien und hob deren Nutzen bei der Geweberegeneration und im Management chronischer Schmerzen hervor.

Vavken et al. [30] trugen später mit einer Meta-Analyse randomisierter, kontrollierter Studien bei, die die Wirksamkeit der PEMF-Therapie bei der Reduktion von Symptomen der Osteoarthritis bestätigten, was den Einsatz von EMF-Anwendungen bei degenerativen Gelenkerkrankungen weiter untermauerte.

Auf zellulärer Ebene untersuchten Fitzsimmons et al. (1995) [31] die Wirkung kombinierter Magnetfelder auf menschliche Osteosarkomzellen. Sie zeigten, dass elektromagnetische Stimulation die Produktion des insulinähnlichen Wachstumsfaktors II (IGF-II) – ein Schlüsselfaktor der Knochenzellaktivität – steigern kann.

Ihre Ergebnisse legen nahe, dass Magnetfelder Signaltransduktionswege beeinflussen können, die an der Zellproliferation und Knochengewebekontrolle beteiligt sind.

Darauf aufbauend zeigten Reale et al. [32], dass extrem niederfrequente EMF Immunantworten in neuronalen Zellen modulieren können, was auf breitere Auswirkungen von EMF auf Entzündungs- und Neuroimmunkontrollen hinweist.

Unterstützend zu den potenziellen neuroplastischen Effekten von EMF zeigten Cucuruzzu et al. [33], dass eine Exposition gegenüber niederfrequenten elektromagnetischen Feldern (50 Hz) die hippocampale Neurogenese in Mäusen verstärken kann, was darauf hindeutet, dass EMF neuronale Plastizität und kognitive Funktionen unter spezifischen Bedingungen beeinflussen könnten.

Zusätzlich berichteten Blank und Goodman [34], dass elektromagnetische Felder als zelluläre Stressoren wirken, die schützende Reaktionen wie die Hochregulierung von Hitzeschockproteinen auslösen.

Funk, Monsees und Özkur [35] fassten ähnliche Befunde über EMF-Effekte zusammen und zeigten, dass EMF das Zellverhalten, den Kalzium-Signalweg und reaktive Sauerstoffspezies (ROS) dynamisch beeinflussen, die für Zellmetabolismus und Überleben zentral sind.

Darüber hinaus berichteten Consales et al. [36], dass eine anhaltende EMF-Exposition die Produktion reaktiver Sauerstoffspezies erhöhen kann, was möglicherweise zu neuronaler Schädigung und alterungsbedingten Pathologien beiträgt, indem EMF-Exposition oxidative Stresspfade beeinflusst, die an der Neurodegeneration beteiligt sind.

Trotz des wachsenden wissenschaftlichen Interesses haben bislang nur wenige Studien die Auswirkungen elektromagnetischer Felder (EMF) auf der Proteomebene untersucht. Lantow et al. [37] zeigten, dass die Exposition gegenüber elektromagnetischen Feldern oxidative Stressreaktionen auslösen und die Expression von Hitzeschockproteinen in primären menschlichen Immunzellen modulieren kann – ein Hinweis auf eine mögliche zelluläre Stressantwort, die durch EMF aktiviert wird.

Darüber hinaus betonten Gye et al. [38], dass EMF-Reaktionen kontextabhängig sind, beeinflusst durch Faktoren wie Feldstärke, Expositionsduer, biologisches Geschlecht und Gewebetyp. Diese Erkenntnisse unterstreichen die Notwendigkeit standardisierter Protokolle und die Etablierung biomarkerbasierter Evaluationsmethoden.

Mundsleimhautzellen stellen ein vielversprechendes, bislang jedoch wenig genutztes Modell zur Untersuchung systemischer biologischer Reaktionen auf EMF dar. Bollati et al. [18] und Sullivan et al. [39] zeigten die Relevanz von Mundsleimhautzellen in der molekularen Epidemiologie und Biomarkerforschung, da sie sich durch eine nichtinvasive Entnahme und eine hohe Sensitivität gegenüber Umwelt- und physiologischen Einflüssen auszeichnen. Ihre Anwendung in EMF-bezogener Proteomforschung ist jedoch bisher begrenzt.

Neben zellulären Mechanismen untersuchten Ohkubo und Okano [40] die klinischen Effekte statischer Magnetfelder auf die Kreislauftfunktion und berichteten über eine Modulation des Blutflusses und der kardiovaskulären Regulation. Diese Erkenntnisse deuten darauf hin, dass Magnetfelder breitere physiologische Einflüsse ausüben können, die über lokale Gewebeeffekte hinausgehen.

Neben ihrer einfachen Anwendung und der nichtinvasiven Entnahmemöglichkeit haben sich Mundsleimhautzellen als empfindliches System zur Erfassung physiologischer Reaktionen auf EMF auf molekularer Ebene erwiesen, einschließlich epigenetischer und oxidativer Stressmarker [18]. Ihr Einsatz in EMF-bezogener Proteomforschung ist jedoch bislang eingeschränkt.

Darüber hinaus wurde gezeigt, dass EMF nicht nur die Genexpression, sondern auch die Proteinstruktur, Phosphorylierungszustände und intrazelluläre Signalnetzwerke beeinflussen können – insbesondere in Immun- und Nervenzellen [41, 36].

Diese Ergebnisse deuten darauf hin, dass proteomische Ansätze, insbesondere unter Verwendung leicht zugänglicher Gewebe wie Mundsleimhautzellen, wertvolle Einblicke in posttranskriptionale Mechanismen liefern können, über die EMF die menschliche Physiologie beeinflussen.

Um die bestehenden Lücken in der Literatur zu schließen, baut die vorliegende Studie auf früheren Arbeiten zur molekularen Forschung über elektromagnetische Felder auf und nutzt neuartige proteomische Methoden, um die Effekte von Magnetfeldern auf das Proteom menschlicher Mundsleimhautzellen zu untersuchen [20, 19]. Durch ein kontrolliertes Studiendesign und die Anwendung datenunabhängiger Massenspektrometrie (DIA) [42, 1] zielt diese Untersuchung darauf ab, spezifische Proteinexpressionsmuster und biologische Signalwege zu identifizieren, die durch EMF-Exposition in menschlichen Epithelzellen beeinflusst werden.

Methodik

Diese Studie wurde als randomisierte, kontrollierte Pilotstudie durchgeführt, um die molekularen Effekte der Magnetfeldexposition auf menschliche Mundsleimhautzellen zu erforschen. Die Methodik wurde entwickelt, um die Machbarkeit der Nutzung von Mundsleimhautzellen als nichtinvasives Probenmaterial zu bewerten (unter Verwendung des Epi-Proteomics-Testkits von MOLEQLAR Analytics [23]) und die Sensitivität proteomischer Analysen zur Erfassung von EMF-induzierten biologischen Veränderungen zu prüfen.

Die folgenden Abschnitte beschreiben die Teilnehmerrekrutierung, die experimentelle Intervention, die Probenentnahme, den proteomischen Workflow sowie die statistischen Analysen zur Bewertung differentieller Proteinexpression.

Studiendesign und Teilnehmer

Diese Studie wurde als Pilotuntersuchung konzipiert, um die Anwendbarkeit proteomischer Analysen als Monitoring-Tool und die potenziellen biologischen Effekte wiederholter Magnetfeldexposition zu evaluieren.

Das primäre Ziel war es, zu prüfen, ob die Magnetfeldexposition durch die Vitori-Matte [22] messbare epigenetische und proteomische Veränderungen in menschlichen Mundsleimhautzellen induziert und ob diese Veränderungen nach einer kurzen Wasch-out-Phase anhalten. Darüber hinaus sollte untersucht werden, ob kandidatenbasierte Biomarker identifiziert werden können, die in zukünftigen, groß angelegten Studien validiert werden.

Neun erwachsene Teilnehmer wurden rekrutiert, randomisiert und in zwei Gruppen aufgeteilt:

eine Interventionsgruppe mit sechs weiblichen Teilnehmerinnen und eine Kontrollgruppe mit drei Personen (zwei Männern und einer Frau). Die Interventionsgruppe bestand ausschließlich aus Frauen im Alter zwischen 28 und 55 Jahren, während die Kontrollgruppe eine Frau und zwei Männer im Alter zwischen 47 und 48 Jahren umfasste.

Die Einschlusskriterien setzten voraus, dass die Teilnehmer Erwachsene in allgemein gutem Gesundheitszustand waren.

Einige Teilnehmer berichteten über leichte oder chronische Beschwerden wie Rückenschmerzen oder Schlafstörungen, jedoch lagen keine akuten oder instabilen Erkrankungen vor. Keiner der Teilnehmer nahm derzeit Medikamente ein. Das Maß an körperlicher Aktivität variierte; einige gaben regelmäßige oder gelegentliche Aktivitäten wie Gehen oder Schwimmen an.

Ein Teilnehmer der Interventionsgruppe (Teilnehmer B8) wurde später aufgrund unvollständiger Probenentnahme ausgeschlossen, sodass die finale Stichprobe acht Teilnehmer umfasste. Die kleine Stichprobengröße war für eine Pilot- und Machbarkeitsstudie, die sich auf methodische Validierung und explorative Analysen konzentriert, angemessen. Mundschleimhautzellproben wurden bei allen Teilnehmern durch nichtinvasive Abstrichverfahren entnommen, unter Verwendung des Epi-Proteomics-Testkits von MOLEQLAR Analytics [23]. Das experimentelle Design folgte einem Vorher-Nachher-Modell mit einem zusätzlichen Nachuntersuchungszeitpunkt.

Die Teilnehmer der Interventionsgruppe wurden für fünf aufeinanderfolgende Tage einer Magnetfeldexposition ausgesetzt, die an drei Sitzungen (S1, S2 und S3) stattfand. Die Proben wurden zu drei unterschiedlichen Zeitpunkten entnommen:

- P1: vor Beginn der Magnetfeldexposition,
- P2: unmittelbar nach fünf Tagen Exposition,
- P3: drei Tage nach Ende der Intervention (sog. Fade-out-Phase).

Im Gegensatz dazu wurden in der Kontrollgruppe (siehe Abbildung 2), die keiner Magnetfeldexposition unterzogen wurde, die Proben zu zwei Zeitpunkten entnommen (P1 und P2), mit einem Abstand von fünf Tagen, um den zeitlichen Ablauf der Intervention nachzubilden. Abbildung 3 zeigt das schematische Studiendesign.

Alle Teilnehmer wurden angewiesen, während des Studienzeitraums ihre täglichen Routinen beizubehalten und keine Lebensstiländerungen vorzunehmen. Vor der Teilnahme wurde von allen Personen eine schriftliche Einverständniserklärung eingeholt, entsprechend den ethischen Standards für Humanstudien.

Die Zusammensetzung der Stichprobe weist ein Ungleichgewicht zwischen den Geschlechtern auf, da die Interventionsgruppe ausschließlich weibliche Teilnehmer umfasste. Dies wird als Limitation dieser Pilotstudie anerkannt.

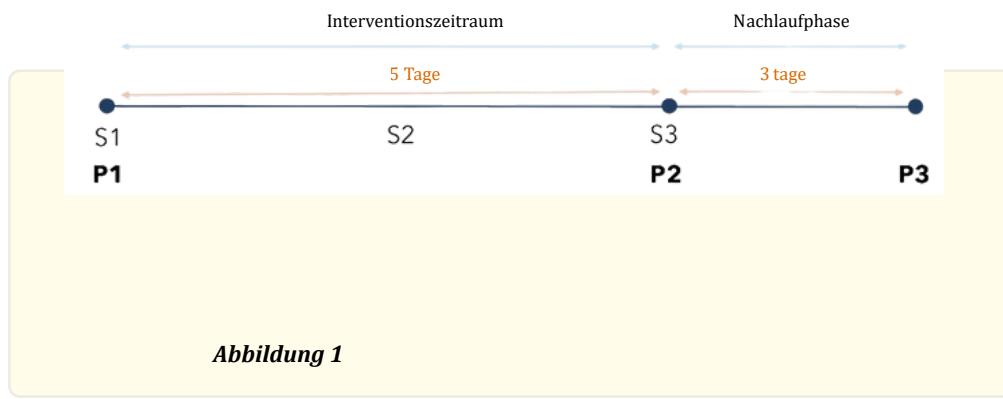


Abbildung 1

Zeitplan der Probenentnahme – Interventionsgruppe

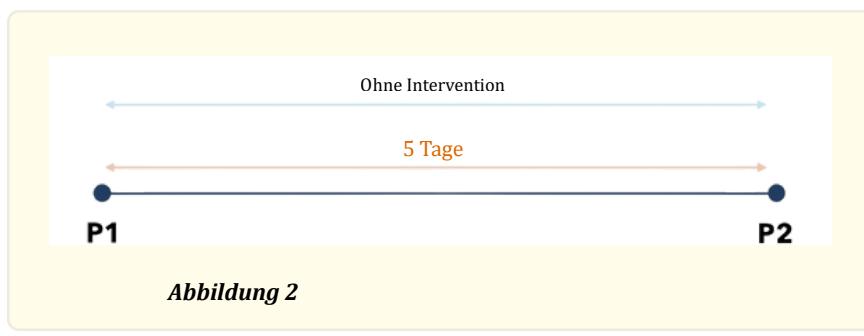


Abbildung 2

Zeitplan der Probenentnahme – Kontrollgruppe

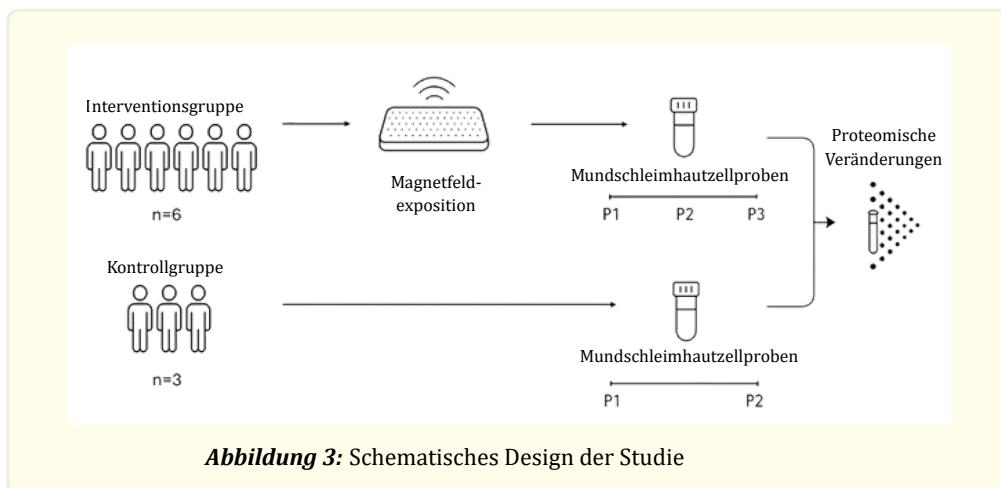


Abbildung 3: Schematisches Design der Studie

Protokoll zur Magnetfeldexposition

Die Interventionsgruppe verwendete die Vitori-Matte [22], ein nicht-invasives Wellnessgerät, das Magnetfelder mit der Schumann-Frequenz (7,83 Hz) [12, 43, 11] erzeugt. Es wurden keine weiteren Funktionen aktiviert. Jeder Teilnehmer nutzte die Matte täglich 60 Minuten lang über fünf aufeinanderfolgende Tage. Jede Sitzung umfasste eine Stunde Exposition pro Tag, gefolgt von einer 30-minütigen Ruhephase vor der Probenentnahme, um unmittelbare biologische Nachwirkungen zu minimieren.

Die Sitzungen konnten an einem Ort nach Wahl des Teilnehmers stattfinden, sofern die Umgebung ruhig und störungsfrei war. Den Teilnehmern wurde geraten, sich in Rückenlage auf die Matte zu legen, die entweder auf dem Boden oder auf einer gepolsterten Unterlage platziert werden konnte, und bequeme oder leichte Kleidung zu tragen, um eine optimale Feldexposition zu gewährleisten. Vor jeder Sitzung sollte ein Glas Wasser getrunken werden.

Die Aktivitäten während der Intervention waren nicht eingeschränkt; die Teilnehmer durften schlafen, meditieren, Musik hören, lesen oder sich anderen entspannenden Tätigkeiten widmen. Etwaige unerwünschte Ereignisse, wie Schwindel, Schwitzen oder Herzklopfen, waren sofort zu melden – in solchen Fällen wurden die Teilnehmer angewiesen, die Studie abzubrechen.

Datenverarbeitung und Qualitätskontrolle

Alle Proben wurden in einer gemeinsamen Charge verarbeitet und analysiert, um technische Variationen zu minimieren. Die Proteinidentifizierung und -quantifizierung erfolgte mit der DIA-NN-Softwareplattform unter Verwendung einer LC-MS/MS-Analyse im datenunabhängigen Akquisitionsmodus (DIA).

Die Rohintensitätsdaten wurden mittels Medianzentrierung normalisiert, um interindividuelle Variationen zu reduzieren. Fehlende Werte wurden mithilfe einer Zufallsziehung aus einer gaußschen Verteilung um einen minimalen Intensitätswert imputiert. Dieser Ansatz gewährleistete die Erhaltung der Varianzstruktur, während gleichzeitig nachgelagerte statistische Analysen ermöglicht wurden.

Proteingruppen mit mehr als 90 % fehlenden Werten über alle Proben hinweg wurden von der weiteren Analyse ausgeschlossen, um die Datenuverlässigkeit zu sichern. Proben mit hohem Anteil fehlender Werte gruppierten sich erwartungsgemäß in einer Hauptkomponentenanalyse (PCA) und bestätigten damit die Entscheidung, diese aufgrund geringerer Datenqualität zu entfernen.

Die PCA wurde außerdem eingesetzt, um globale Trends und Cluster über verschiedene Zeitpunkte hinweg zu untersuchen und die Reversibilität der Veränderungen nach der Interventionsphase zu bewerten.

Aufgrund der Pilotnatur der Studie und der geringen Stichprobengröße wurden nichtparametrische Tests verwendet. Zwei komplementäre statistische Ansätze kamen zum Einsatz, um die Interventionseffekte zu beurteilen.

Zuerst wurden zwischen den Gruppen Unterschiede ausgewertet, indem log2-Faltänderungen in der Proteinexpression von P1 zu P2 für jede einzelne Person berechnet und diese Werte anschließend zwischen der Interventions- und der Kontrollgruppe unter Verwendung des Wilcoxon-Rangsummentests verglichen wurden. Zweitens wurde der Friedman-Test auf die drei Zeitpunkte der Interventionsgruppe (P1, P2, P3) angewendet, um innerindividuelle Veränderungen über die Zeit hinweg zu untersuchen.

Proteine, die in beiden Tests als signifikant befunden wurden, wurden anschließend auf ihre funktionelle Relevanz hin analysiert. Die Anreicherung biologischer Prozesse der Gene Ontology (GO) unter diesen Proteinen zeigte Assoziationen mit Immunregulation, Zellproliferation und antimikrobieller Aktivität. Verlaufstrends ausgewählter Proteine wurden visualisiert, um Expressionsverläufe über die Interventions- und Nachwaschphasen zu illustrieren.

Ergebnisse

Proteomisches Profiling und Unterschiede zwischen den Gruppen

Insgesamt wurden 22 Mundschleimhautzellproben von acht Teilnehmern mittels LC-MS/MS mit datenunabhängiger Akquisition (DIA) analysiert. Nach Qualitätskontrolle und Filterung wurden pro Probe zwischen 2000 und 4000 Proteine identifiziert. Nach Normalisierung und Imputation unterschieden sich 108 Proteingruppen signifikant zwischen der Kontroll- und der Interventionsgruppe, basierend auf log2-Faltänderungen von P1 zu P2 und dem Wilcoxon-Rangsummentest ($p < 0,05$, unadjustiert).

Diese unterschiedlich exprimierten Proteine zeigten eine Vielzahl von Auf- und Abregulationsmustern als Reaktion auf die Magnetfeldexposition. Die meisten identifizierten Proteine wiesen Faltänderungen größer als 0,5 in beide Richtungen auf, was auf biologisch relevante Veränderungen hinweist.

Längsschnittveränderungen innerhalb der Interventionsgruppe

Der Friedman-Test analysierte proteomische Daten aus den drei Zeitpunkten der Interventionsgruppe (P1, P2, P3). Diese Längsschnittanalyse ergab 67 Proteingruppen mit signifikanten zeitabhängigen Veränderungen zwischen der Interventions- und der Nachwaschphase ($p < 0,05^*$). Während paarweise Vergleiche zwischen den einzelnen Zeitpunkten nach Korrektur nicht statistisch signifikant waren, deutete ein großer Effekt (Kendall's $W \geq 0,5$) auf bedeutende intraindividuelle Verschiebungen hin.

Die Hauptkomponentenanalyse (PCA) zeigte, dass sich die P2-Proben vom Ausgangszustand (P1) abgrenzten, was auf eine Reaktion auf die Magnetfeldexposition hinweist. Bemerkenswerterweise neigten die P3-Proben (Nachwaschphase) dazu, sich wieder in Richtung des P1-Clusters zu verschieben, was auf eine teilweise Reversibilität der beobachteten Effekte hindeutet. Ein gewisses Maß an Variabilität blieb jedoch bestehen, was darauf schließen lässt, dass die dreitägige Nachwaschphasemöglichkeit nicht ausreicht, um eine vollständige Rückkehr zum Ausgangszustand zu ermöglichen.

Überlappung signifikanter Proteine und funktionelle Analyse

Eine Überschneidung von Proteinen, die sowohl in den Wilcoxon- als auch in den Friedman-Analysen signifikant waren, ergab 13 überlappende Proteingruppen. Diese Proteine waren mit verschiedenen zellulären Prozessen assoziiert, darunter Immunmodulation, Zellwachstum und antimikrobielle Abwehr.

- **CHAD (Q15535)** – beteiligt an der Anheftung und Proliferation von Chondrozyten.
- **RNASE3** – zeigt antimikrobielle Aktivität, insbesondere gegen grampositive Bakterien.
- **POC1B** – spielt eine Rolle bei der Zentrosomenassemblierung und mitotischen Spindelbildung.
- **MUC20** – moduliert die MET-Signalkaskade und MAPK-Aktivierung.
- **EHF** – reguliert die epitheliale Differenzierung und Proliferation.
- **KIDINS220 (Q9ULH0)** – beteiligt an neuronalem Wachstum und EPHA4-vermittelter Signalübertragung.
- **HSD17B11** – beteiligt am Steroidhormonstoffwechsel und identifiziert als tumorassoziiertes Antigen.
- **CAMSAP1** – stabilisiert Mikrotubuli und beeinflusst die Zellstruktur.
- **TRPM4 (Q8TD43)** – reguliert Kalziumoszillationen bei der T-Zell-Aktivierung und Insulinsekretion.

Anreicherung der Genontologie

Die Anreicherungsanalyse der 108 signifikant unterschiedlich exprimierten Proteine zeigte überrepräsentierte biologische Prozesse, die mit Immunantwort, Zellproliferation und Stress-Signalisierung in Zusammenhang stehen.

Diese Ergebnisse deuten darauf hin, dass die Exposition gegenüber Magnetfeldern Signalwege modulieren kann, die mit immunologischer Aktivierung und Gewebsremodelling verbunden sind.

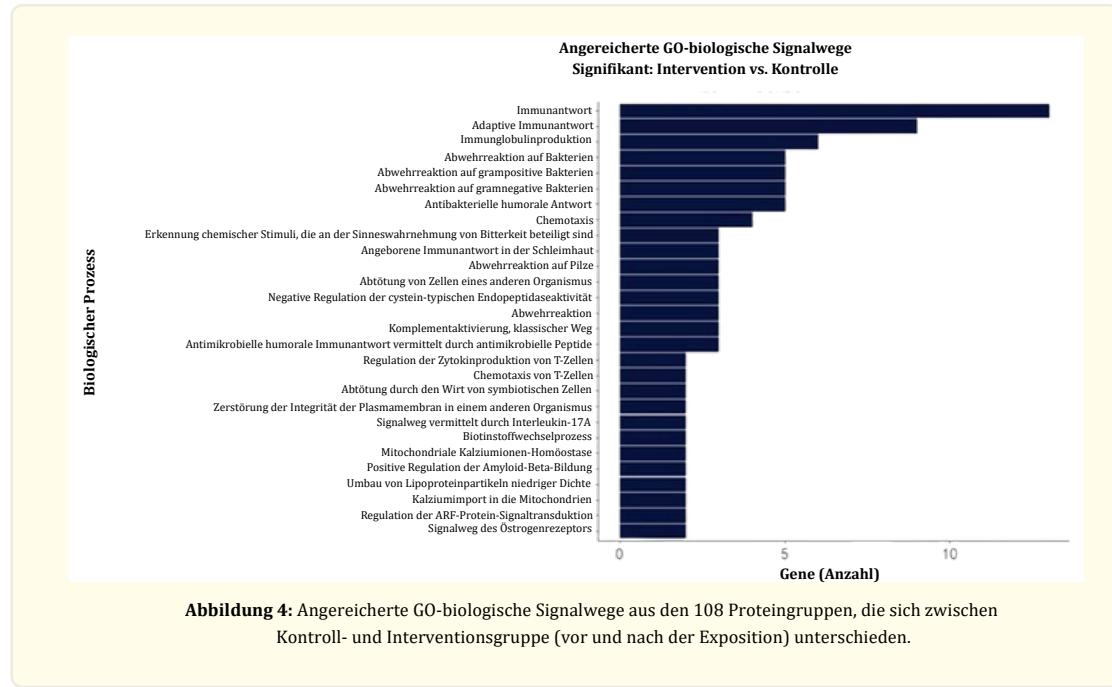


Abbildung 4: Angereicherte GO-biologische Signalwege aus den 108 Proteingruppen, die sich zwischen Kontroll- und Interventionsgruppe (vor und nach der Exposition) unterscheiden.

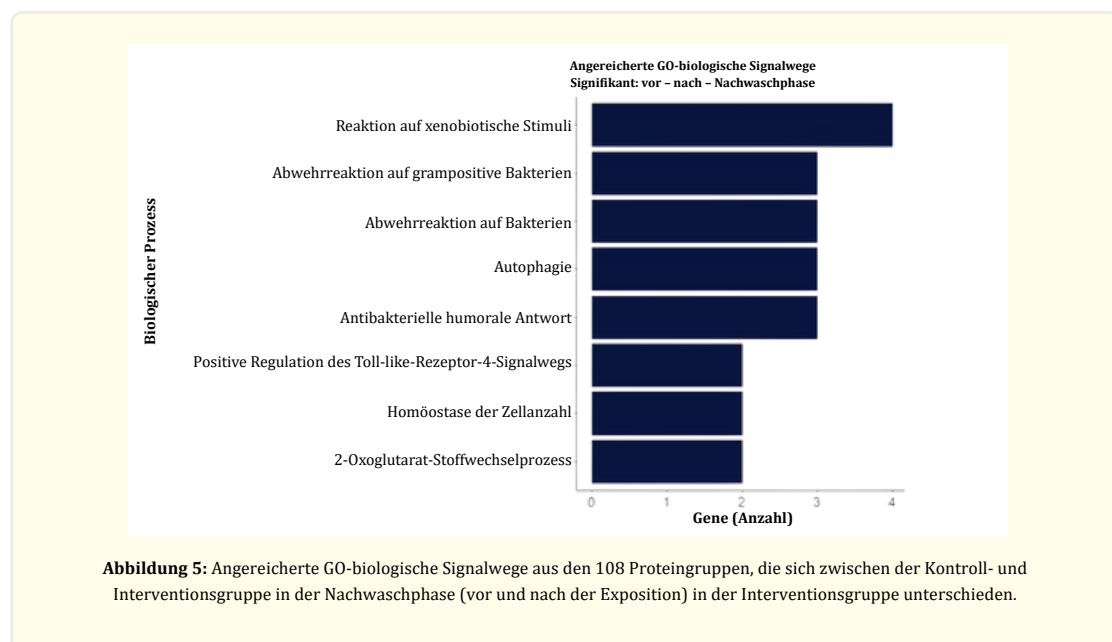
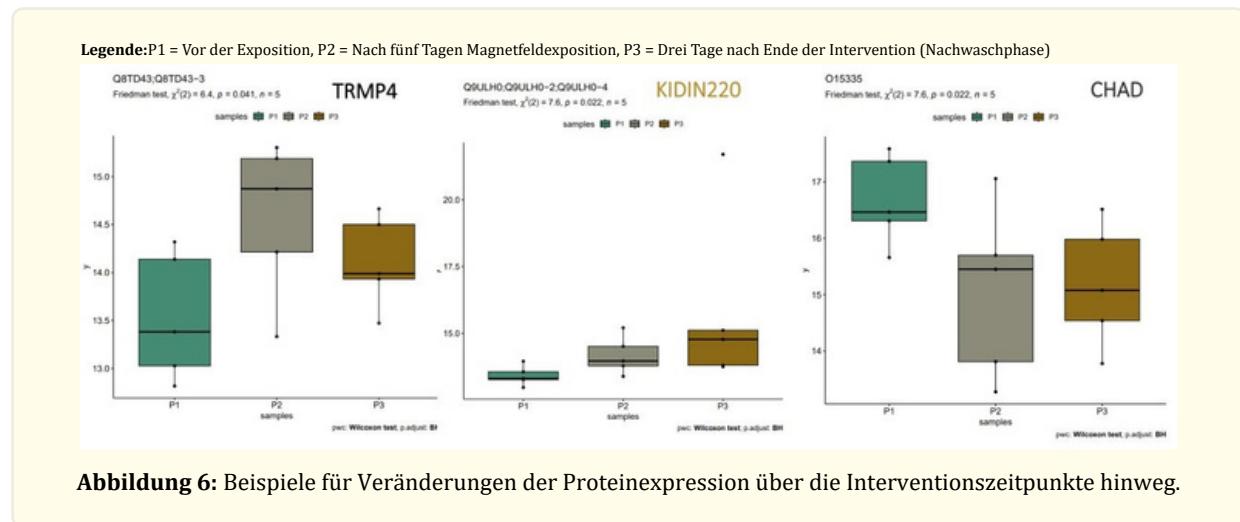


Abbildung 5: Angereicherte GO-biologische Signalwege aus den 108 Proteingruppen, die sich zwischen der Kontroll- und Interventionsgruppe in der Nachwaschphase (vor und nach der Exposition) in der Interventionsgruppe unterscheiden.

Proteinexpressionsdynamik

Drei Beispielproteine mit unterschiedlichen Expressionsverläufen sind in Abbildung 6 dargestellt:

- **TRPM4 (Q8TD43)** stieg nach der Exposition (P2) an und nahm nach der Nachwaschphase (P3) wieder ab, was auf eine vorübergehende Reaktion hinweist.
- **KIDIN220 (Q9ULH0)** zeigte einen stetigen Anstieg von P1 bis P3, was auf einen potenziell anhaltenden Effekthindeutet.
- **CHAD (O15335)** nahm nach der Exposition ab und kehrte bis P3 nicht auf die Ausgangswerte zurück.



Diese Expressionsmuster verdeutlichen die Variabilität molekularer Reaktionen auf die Magnetfeldexposition und deuten darauf hin, dass einige Effekte reversibel sein könnten, während andere länger anhalten.

Diskussion

Diese Pilot- und Machbarkeitsstudie untersuchte die Auswirkungen wiederholter Exposition gegenüber einem Magnetfeld erzeugenden Vitori-Mattensystem [22] auf das proteomische Profil menschlicher Mundschleimhautzellen. Unter Anwendung eines kontrollierten Pre-Post-Follow-up-Designs mit einer Interventionsgruppe und einer Kontrollgruppe konnten messbare und biologisch relevante Veränderungen in der Proteinexpression festgestellt werden, die mit Immunprozessen, Zellwachstum und Stressreaktionen in Zusammenhang stehen.

Hauptergebnisse und biologische Interpretation

Die Exposition gegenüber Magnetfeldern über fünf aufeinanderfolgende Tage führte zu signifikanten proteomischen Veränderungen. Insgesamt 108 Proteingruppen unterschieden sich zwischen der Interventions- und Kontrollgruppe nach der Expositionssphase, mit Expressionsänderungen (fold changes) über 0,5 und $p < 0,05$. Zusätzlich zeigten 67 Proteingruppen signifikante zeitabhängige Veränderungen über die Interventions- und Nachwaschphasen hinweg, wie der Friedman-Test ergab.

Die Hauptkomponentenanalyse (PCA) zeigte eine klare Abweichung des proteomischen Profils unmittelbar nach der Magnetfeldexposition (P2) mit einer teilweisen Rückkehr während der Nachwaschphase (P3). Dies deutet darauf hin, dass einige Effekte vorübergehend sein könnten, während andere länger anhalten.

Bemerkenswerterweise wurden 13 Proteine in beiden statistischen Analysen als signifikant identifiziert.

Diese Proteine waren funktionell beteiligt an: Chondrozytenhaftung (CHAD), Immunaktivität (RNASE3), Neuronaler Signalübertragung (KIDIN220), T-Zell-Kalziumsignalisierung (TRPM4).

Diese Ergebnisse legen nahe, dass die Exposition gegenüber Magnetfeldern die Immunregulation, das Gewebsremodelling und die neuromuskuläre Kommunikation beeinflussen kann.

Mehrere zusätzliche Zielproteine, die in beiden statistischen Tests identifiziert wurden, bieten weitere Einblicke in die potenziellen biologischen Effekte der Magnetfeldexposition. POC1B, ein Zentrosomen-Protein, ist für die Assemblierung und Stabilität von Zentriolen notwendig und weist auf eine mögliche Beteiligung magnetischer Felder an der Regulation von Zellteilung und zytoskelettaler Integrität hin. CAMSAP1, ein mikrotubulusbindendes Protein, spielt eine ähnliche Rolle bei der Aufrechterhaltung der Zellarchitektur, was auf eine mögliche Modulation struktureller Protein-Dynamiken in Epithelzellen hindeutet.

MUC20 interagiert mit dem MET-Signalweg, der das Zellwachstum und die epitheliale Reparatur steuert. Seine Regulation könnte EMF-induzierte Veränderungen in epithelialer Homöostase oder mukosalen Oberflächenreaktionen widerspiegeln. EHF, ein Transkriptionsfaktor der ETS-Familie, steht im Zusammenhang mit der epithelialen Differenzierung und Barrierefunktion – Prozesse, die für mukosale Integrität und Stressanpassung relevant sind.

Auf der Ebene des Stoffwechsels und endokriner Interaktionen ist HSD17B11 am Steroidstoffwechsel beteiligt und wurde als tumorassoziiertes Antigen bei kutanem Lymphom identifiziert. Obwohl spekulativ, könnte dieser Befund auf subtile EMF-Wechselwirkungen mit Lipid-, Signal- oder Hormonwegen hindeuten. Diese Beobachtungen und die Beteiligung von TRPM4 an kalziumabhängiger Signalgebung und immurer Aktivierung deuten darauf hin, dass die Magnetfeldexposition verschiedene funktionelle Systeme beeinflussen kann – darunter Immunüberwachung, Gewebsremodelling und Zellzykluskontrolle.

Die Anreicherung von Proteinen, die mit Immunfunktionen in Zusammenhang stehen, legt nahe, dass die Magnetfeldexposition das angeborene Immunsystem stimulieren oder modulieren kann, selbst ohne äußere Pathogene oder Stressoren. Die Beteiligung von Proteinen wie TRPM4 und KIDIN220 deutet zusätzlich auf mögliche EMF-induzierte Veränderungen in der Kalzium-Signalgebung und der neuroimmunen Kommunikation hin – Mechanismen, die insbesondere in der neurorehabilitativen Medizin, bei Entzündungsprozessen und in der Geweberegeneration relevant sind.

Die Rückkehr der proteomischen Profile in Richtung Ausgangsniveau nach einer dreitägigen Nachwaschphase deutet darauf hin, dass die Effekte der Intervention zumindest teilweise reversibel sind. Allerdings kehrten nicht alle Proteine vollständig zurück, was darauf schließen lässt, dass Expositionsdauer, -intensität oder individuelle Empfindlichkeit die Persistenz der Effekte beeinflussen könnten.

Machbarkeitsergebnisse

Diese Pilotstudie bestätigte außerdem die methodische Durchführbarkeit proteomischer Analysen unter Verwendung von Mundschleimhautzellen, die mithilfe des Epi-Proteomics-Testkits von MOLEQLAR Analytics [23] zu Hause gesammelt wurden.

Die Einhaltung des Protokolls war hoch, nur ein Teilnehmer wurde aufgrund unvollständiger Probenabgabe ausgeschlossen.

Basierend auf data-independent acquisition (DIA) und DIA-NN-Analysen zeigte der Workflow eine robuste Proteinidentifikation (zwischen 2000 und 4000 Proteingruppen pro Probe) und bestätigte damit die Sensitivität der Methode in einem minimal-invasiven Kontext. Normalisierungs- und Imputationsverfahren wurden erfolgreich angewendet, und die meisten Proben bestanden die Qualitätskontrolle, trotz der bekannten Herausforderungen bei der Arbeit mit Buccalzellen. Das kombinierte experimentelle Protokoll – einschließlich Magnetfeldintervention, Probenentnahmzeitplan und Massenspektrometrieanalyse – wurde ohne technische oder prozedurale Komplikationen durchgeführt.

Diese Ergebnisse stützen die Anwendbarkeit dieses Ansatzes in zukünftigen groß angelegten Studien und zeigen, dass Buccalzellen eine praktische und reaktive Biosource zur Erkennung kurzzeitiger molekularer Effekte der EMF-Exposition darstellen.

Vergleich mit vorheriger Literatur

Unsere Ergebnisse stimmen mit früheren Studien überein, die darauf hinweisen, dass elektromagnetische Felder (EMF) die biologische Aktivität auf zellulärer und molekularer Ebene modulieren können. Frühere Arbeiten zeigten, dass gepulste oder extrem niederfrequente EMF die Genexpression, Apoptose und Entzündungssignalwege beeinflussen können ([32, 34]). Die beobachteten Veränderungen in Immun- und Zellproliferationsprozessen entsprechen den berichteten Effekten von EMF auf Makrophagenaktivität, Zytokinfreisetzung und zellulären Stoffwechsel ([44, 32, 45]).

Nur wenige Studien haben hochauflösende Proteomikverfahren angewendet, um menschliche Reaktionen auf Magnetfeldexposition zu bewerten, was auf eine methodische Forschungslücke hinweist ([32, 44, 46]). Diese Studie schließt diese Lücke, indem sie die technische Machbarkeit proteomischer Profilierung anhand nicht-invasiv gesammelter Mundschleimhautzellen demonstriert und neue potentielle Proteommarken identifiziert, die auf Magnetfeldexposition ansprechen.

<https://primerascientific.com/psmhp>

Einschränkungen

Mehrere Einschränkungen müssen anerkannt werden.

Erstens war die Stichprobengröße klein, und die Geschlechterverteilung unausgeglichen, da die Interventionsgruppe ausschließlich aus weiblichen Teilnehmern bestand. Dies beschränkt die Verallgemeinerbarkeit der Ergebnisse und verhindert Subgruppenanalysen.

Zweitens, obwohl die proteomische Analyse sorgfältig durchgeführt wurde, erschwert das Fehlen eines korrespondierenden epigenetischen Datensatzes die Interpretation weiterreichender regulatorischer Mechanismen.

Darüber hinaus, obwohl die Exposition in Dauer und Frequenz (Schumann-Frequenz, 7,83 Hz) standardisiert wurde, wurden Intensität und räumliche Verteilung des Magnetfeldes nicht in physikalischen Einheiten quantifiziert. Diese Einschränkung erschwert den Vergleich mit anderen EMF-Studien und sollte in zukünftigen experimentellen Setups berücksichtigt werden.

Zukünftige Forschungsrichtungen

Die beobachteten Veränderungen unterstützen die Machbarkeit der Anwendung von Buccalzell-Proteomik als sensitives, nicht-invasives Verfahren, um biologische Reaktionen auf Magnetfeldexposition zu verfolgen. Zukünftige Studien sollten größere, geschlechterbalancierte Kohorten und verlängerte Beobachtungszeiträume einbeziehen, um Langzeiteffekte und Dosisabhängigkeit zu untersuchen. Parallele Analysen der Genexpression und epigenetischen Modifikationen würden ein umfassenderes Bild der beteiligten regulatorischen Kaskaden liefern.

Darüber hinaus würde eine Quantifizierung und Kalibrierung der Magnetfeldintensität – einschließlich physiologischer Endpunkte (z. B. HRV, Entzündungsmarker) – sowie die Untersuchung der klinischen Relevanz bei spezifischen Patientengruppen (z. B. Schmerz, Neuroinflammation) das translationale Potenzial weiter erhöhen.

Schlussfolgerung

Diese Studie liefert erste Hinweise, dass eine kurzzeitige Exposition gegenüber niederfrequenten Magnetfeldern über die Vitori-Matte [22] signifikante proteomische Veränderungen in menschlichen Buccalzellen hervorruft. Unter Verwendung eines kontrollierten Pre-Post-Follow-up-Designs wurden 108 unterschiedlich exprimierte Proteine zwischen der Kontroll- und Interventionsgruppe sowie 67 Proteine mit signifikanten zeitlichen Veränderungen innerhalb der Interventionsgruppe identifiziert.

Die Anreicherungsanalyse zeigte biologische Signalwege, die mit Immunfunktion, Stressregulation und zellulärem Remodelling in Verbindung stehen, wobei mehrere Proteine eine teilweise Reversibilität nach der Nachwaschphase aufwiesen.

Neben den biologischen Erkenntnissen bestätigte die Studie auch die methodische Machbarkeit der Kombination aus nicht-invasiver Probenentnahme von Buccalzellen mit hochauflösender Massenspektrometrie und statistischer Proteomik. Die erfolgreiche Umsetzung dieses Workflows – über Teilnehmerrekrutierung, Probenentnahme, Magnetfeldexposition und proteomische Analyse hinweg – zeigt die praktische Anwendbarkeit dieses Ansatzes für zukünftige molekulare Studien am Menschen.

Die Ergebnisse verdeutlichen das Potenzial der Buccalzell-Proteomik als sensibles Werkzeug zur Erfassung kurzzeitiger molekulärer Reaktionen auf elektromagnetische Feldexposition. Durch die Identifikation kandidater Proteinmarker, die mit Immun-Signalwegen und zellulärem Stress assoziiert sind, legt diese Arbeit die Grundlage für größere Folgestudien und unterstützt die Weiterentwicklung EMF-basierter therapeutischer Monitoringstrategien. Weitere Forschung ist notwendig, um diese Ergebnisse in diverseren Populationen mit verlängerten Expositionsdauern und ergänzenden klinischen Endpunkten zu validieren.

Schließlich erweitert diese Studie das Verständnis der Bioelektromagnetismus-Forschung, indem sie neue molekulare Evidenz liefert und ein skalierbares methodisches Rahmenwerk bietet, um die therapeutischen und biologischen Effekte von Magnetfeldinterventionen beim Menschen zu erforschen.

Danksagung

Wir danken Vitori Health GmbH herzlich für die großzügige Bereitstellung der in dieser Studie verwendeten Matten.

Unser besonderer Dank gilt Sebastian Krenz, dem Gründer der Vitori Health GmbH, für seine Unterstützung und sein Engagement, die maßgeblich zum erfolgreichen Abschluss dieser Forschung beigetragen haben.

Quellen

1. Vadim Demichev., et al. "Dia-nn: neural networks and interference correction enable deep proteome coverage in high throughput". *Nature methods* 17.1 (2020): 41-44.
2. Berish Strauch., et al. "Evidence-based use of pulsed electromagnetic field therapy in clinical plastic surgery". *Aesthetic surgery journal* 29.2 (2009): 135-143.
3. Fred R Nelson, Raimond Zvirbulis and Arthur A Pilla. "Non-invasive electromagnetic field therapy produces rapid and substantial pain reduction in early knee osteoarthritis: a randomized double-blind pilot study". *Rheumatology international* 33 (2013): 2169-2173.
4. PFW Hannemann., et al. "The effects of low-intensity pulsed ultrasound and pulsed electromagnetic fields bone growth stimulation in acute fractures: a systematic review and meta-analysis of randomized controlled trials". *Archives of orthopaedic and trauma surgery* 134 (2014): 1093-1106.
5. Rukiye Gunduz., et al. "Physical therapy, corticosteroid injection, and extracorporeal shock wave treatment in lateral epicondylitis: clinical and ultrasonographical comparison". *Clinical rheumatology* 31 (2012): 807-812.
6. Richard A Sherman, Nancy M Acosta and Linda Robson. "Treatment of migraine with pulsing electromagnetic fields: a double-blind, placebo-controlled study". *Headache: The Journal of Head and Face Pain* 39.8 (1999): 567-575.
7. Rainer B Pelka, Christof Jaenicke and Joerg Gruenwald. "Impulse magnetic-field therapy for insomnia: A double-blind, placebo-controlled study". *Advances in therapy* 18 (2001): 174-180.
8. Juraj Gmitrov. "Geomagnetic field modulates artificial static magnetic field effect on arterial baroreflex and on microcirculation". *International Journal of Biometeorology* 51 (2007): 335-344.
9. SV Pobachenko., et al. "The contingency of parameters of human encephalograms and schumann resonance electromagnetic fields revealed in monitoring studies". *Biophysics* 51 (2006): 480-483.
10. Sergio Ghione., et al. "Effects of 50 hz electromagnetic fields on electroencephalographic alpha activity, dental pain threshold and cardiovascular parameters in humans". *Neuroscience letters* 382.1-2 (2005): 112-117.
11. Neil Cherry. "Schumann resonances, a plausible biophysical mechanism for the human health effects of solar". *Natural hazards* 26 (2002): 279-331.
12. Davis D Sentman. "Schumann resonances". In *Handbook of Atmospheric Electrodynamics*, CRC Press I (2017): 267-295.
13. Haitham S Mohammed. "Effects of wireless communication electromagnetic fields on human and animal brain activity". In *Electromagnetic Fields of Wireless Communications: Biological and Health Effects*, CRC Press (2022): 275-296.
14. S Ghione., et al. "Do geomagnetic disturbances of solar origin affect arterial blood pressure?". *Journal of human hypertension* 12.11 (1998): 749-754.
15. Kevin S Saroka and Michael A Persinger. "Potential production of the wi-fi frequency (2.45 ghz)-like schumann resonance by the hippocampal formation of rats". *International Letters of Chemistry, Physics and Astronomy* 19 (2013): 8-21.
16. Hans-Ludwig Konig and Reinhard Putz. "Schumann resonances as global and local background reference for the human organism". *Journal of Electromagnetic Waves and Applications* 32.8 (2018): 942-955.
17. Claire Burny., et al. "Back pain exercise therapy remodels human epigenetic profiles in buccal and human peripheral blood mononuclear cells: an exploratory study in young male participants". *Frontiers in Sports and Active Living* 6 (2024): 1393067.
18. Valentina Bollati., et al. "Changes in dna methylation patterns in subjects exposed to low-dose benzene". *Cancer research* 67.3 (2007): 876-880.
19. Mostafa Rezaie-Tavirani., et al. "Proteomic analysis of the effect of extremely low-frequency electromagnetic fields (elf-emf) with different intensities in sh-sy5y neuroblastoma cell line". *Journal of Lasers in Medical Sciences* 8.2 (2017): 79-83.
20. Arnold Kuzniar., et al. "Semi-quantitative proteomics of mammalian cells upon short-term exposure to non-ionizing electromagnetic fields". *PLoS One* 12.2 (2017): e0170762.
21. Rafael A Barauna., et al. "Exposure to an extremely low-frequency electromagnetic field only slightly modifies the proteome of chromobacterium violaceum atcc 12472". *Genetics and Molecular Biology* 38 (2015): 227-230.

22. Vitori GmbH. Premium kristallmatte (2024). <https://www.vitori.de/products/premium-kristallmatte>
23. MOLEQLAR Analytics GmbH. Epi-proteomics test (2024). <https://moleqlar.com/products/epi-proteomics-test>
24. Marko S Markov. "Pulsed electromagnetic field therapy history, state of the art and future". *The Environmentalist* 27.4 (2007): 465-475.
25. Frank S Barnes and Ben Greenebaum. "Biological and medical aspects of electromagnetic fields". CRC press (2018).
26. Ibrahim Duhaini. "The effects of electromagnetic fields on human health". *Physica Medica* 32 (2016): 213.
27. CA Bassett, et al. "Fundamental and practical aspects of therapeutic uses of pulsed electromagnetic fields (pemfs)". *Crit Rev Biomed Eng* 17.5 (1989): 451-529.
28. Roy K Aaron, Deborah McK Ciombor and Bruce J Simon. "Treatment of nonunions with electric and electromagnetic fields". *Clinical Orthopaedics and Related Research®* 419 (2004): 21-29.
29. Martin L Pall. "Electromagnetic fields act via activation of voltage-gated calcium channels to produce beneficial or adverse effects". *Journal of cellular and molecular medicine* 17.8 (2013): 958-965.
30. Patrick Vavken, et al. "Effectiveness of pulsed electromagnetic field therapy in the management of osteoarthritis of the knee: a meta-analysis of randomized controlled trials". *Database of Abstracts of Reviews of Effects (DARE): Quality-assessed Reviews [Internet]* 41.6 (2009).
31. Robert J Fitzsimmons, et al. "Igf-ii receptor number is increased in te-85 osteosarcoma cells by combined magnetic fields". *Journal of Bone and Mineral Research* 10.5 (1995): 812-819.
32. Marcella Reale, et al. "Neuronal cellular responses to extremely low frequency electromagnetic field exposure: implications regarding oxidative stress and neurodegeneration". *PLoS one* 9.8 (2014): e104973.
33. Bruna Cuccurazzu, et al. "Exposure to extremely low-frequency (50 hz) electromagnetic fields enhances adult hippocampal neurogenesis in c57bl/6 mice". *Experimental neurology* 226.1 (2010): 173-182.
34. Martin Blank and Reba Goodman. "Electromagnetic fields stress living cells". *Pathophysiology* 16.2-3 (2009): 71-78.
35. Richard HW Funk, Thomas Monsees and Nurdan O zkucur. "Electromagnetic effects-from cell biology to medicine". *Progress in histochemistry and cytochemistry* 43.4 (2009): 177-264.
36. Claudia Consales, et al. "Electromagnetic fields, oxidative stress, and neurodegeneration". *International journal of cell biology* 2012.1 (2012): 683897.
37. M Lantow, et al. "Ros release and hsp70 expression after exposure to 1,800 mhz radiofrequency electromagnetic fields in primary human monocytes and lymphocytes". *Radiation and environmental biophysics* 45 (2006): 55-62.
38. Myung Chan Gye and Chan Jin Park. "Effect of electromagnetic field exposure on the reproductive system". *Clinical and experimental reproductive medicine* 39.1 (2012): 1-9.
39. Patrick F Sullivan, Chun Fan and Charles M Perou. "Evaluating the comparability of gene expression in blood and brain". *American Journal of Medical Genetics Part B: Neuropsychiatric Genetics* 141B.3 (2006): 261-268.
40. Chiyoji Ohkubo and Hideyuki Okano. "Clinical aspects of static magnetic field effects on circulatory system". *The Environmentalist* 31.2 (2011): 97-106.
41. Dariusz Leszczynski, et al. "Nonthermal activation of the hsp27/p38mapk stress pathway by mobile phone radiation in human endothelial cells: molecular mechanism for cancer and blood-brain barrier-related effects". *Differentiation* 70.2-3 (2002): 120-129.
42. Ludovic C Gillet, et al. "Targeted data extraction of the ms/ms spectra generated by data-independent acquisition: a new concept for consistent and accurate proteome analysis". *Molecular & Cellular Proteomics* 11.6 (2012): 0111.016717.
43. Janis Galejs. "Frequency variations of schumann resonances". *Journal of Geophysical Research* 75.16 (1970): 3237-3251.
44. Giovina Vianale, et al. "Extremely low frequency electromagnetic field enhances human keratinocyte cell growth and decreases proinflammatory chemokine production". *British Journal of Dermatology* 158.6 (2008): 1189-1196.
45. Sijia Chen, et al. "Extremely low-frequency electromagnetic fields targeting spleen modifies the populations of immunocytes in the spleen". *Bioelectromagnetics* 46.1 (2025): e22532.
46. Om P Gandhi. "Biological effects and medical applications of rf electromagnetic fields". *IEEE Trans. Microwave Theory & Tech* 30.1 (1982): 1831-1847.