Aus der Klinik für Nephrologie

der Heinrich-Heine-Universität Düsseldorf

Direktor: Univ.-Prof. Dr. med. L. C. Rump

Die Rolle des P2X7-Rezeptors bei der Progredienz der chronischen Niereninsuffizienz am Mausmodell mit subtotaler Nephrektomie

Dissertation

Zur Erlangung des Grades eines Doktors der Medizin der Medizinischen Fakultät

der Heinrich-Heine-Universität Düsseldorf

vorgelegt von

Marcel Tiedge

2022

Als Inauguraldissertation gedruckt mit Genehmigung der Medizinischen Fakultät der Heinrich-Heine-Universität Düsseldorf

gez.:

Dekan: Prof. Dr. med. Nikolaj Klöcker

Erstgutachter: Prof. Dr. med. Oliver Vonend

Zweitgutachter: Prof. Dr. med. Matthias Schott

Für meine Eltern, in Dankbarkeit

Zusammenfassung

In der vorliegenden Arbeit wurde an einem Mausmodell der chronischen Niereninsuffizienz untersucht, ob eine P2X7-Rezeptordefizienz Einfluss auf die Progredienz der Erkrankung nehmen kann. Am Modell der subtotalen Nephrektomie wird die Entwicklung einer chronischen Niereninsuffizienz und deren spezifischen Umbauprozesse im Bereich der Niere mit Ausbildung von Fibrose durch insbesondere chronische Inflammationsprozesse untersucht. Purinerge Rezeptoren wie der hier untersuchte P2X7-Rezeptor und dessen rezeptorvermittelte Signalkaskaden auf humanen Makrophagen sind über die Ausschüttungen von pro-inflammatorischem Interleukin 1ß (IL1ß) hieran beteiligt. Nach subtotaler Nephrektomie bei P2X7-KOsowie Wildtyptieren erfolgte die Untersuchung physiologischer und laborchemischer Parameter. Darüber hinaus wurde das Nierengewebe histologisch aufgearbeitet sowie mRNA- und Protein-Expressions Analysen mittels Real-time PCR sowie Western Blot zur Evaluation maladaptiver Umbauprozesse angefertigt. So konnte gezeigt werden, dass es bei P2X7 Defizienz in einem geringen Maß zu histologisch darstellbarer Glomerukslerose sowie Ablagerung von extrazellulärer, collagener Matrix kommt. Auch war bei der P2X7-KO-Gruppe eine verbesserte Cystatin C-Clearance mit geringerer Albuminurie zu beobachten. In der mRNA-Expressionsanalyse zeigte sich eine geringere Expression pro-inflammatorischer sowie pro-fibrotischer Parameter. So wurden eine tendenziell erniedrigte Expression des Zytokins Transforming growth factor β (TGFβ), welches u.a. an der Signaltransduktion zur Regulation extrazellulärer Matrix beteiligt ist, und eine signifikant verringerte Expression von Collagen1 beobachtet. Durch Western Blot Analyse konnte dieses Ergebnis auf Proteinebene bestätigt werden. Zusätzlich wurde bei P2X7-KO-Tieren eine Reduktion der Markophagen-chemotaktischen Zytokine wie dem Monocyte chemotactic protein 1 (MCP-1) und dem Nuclear factor κ -light-chain-enhancer of activated B-cells (NF κ B), die kritisch für die Entstehung und Aufrechterhaltung einer Inflammationsreaktion sind, gezeigt. Zusammenfassend schützt die P2X7-Rezeptordefizienz nach subtotaler Nephrektomie vor fortschreitender Nierenfunktionseinschränkung im Vergleich zu den Wildtyptieren.

Abstract

In the present work, in a mouse model of chronic renal failure it was investigated whether P2X7 receptor deficiency can influence the progression of the renal disease. Using the subtotal nephrectomy model, the development of chronic kidney disease and its specific renal remodeling processes with development of fibrosis through inflammation processes were examined. Purinergic receptors, especially the P2X7 receptor, are able to trigger signal cascades in macrophages that are involved in mediating the release of pro-inflammatory interleukin 1ß (IL1ß). After subtotal nephrectomy in P2X7-KO and wild-type animals, physiological and laboratory parameters were examined. In addition, kidney tissue was histologically processed, and mRNA and protein expression analyses were carried out using real-time PCR and Western blot in order to evaluate maladaptive remodeling processes. It could be shown that with P2X7 deficiency there was a reduction in glomerulosclerosis and deposition of extracellular, collagenous matrix. An improved cystatin C clearance with lower albuminuria was also observed in the P2X7-KO group. The mRNA expression analysis showed a lower expression of pro-inflammatory and pro-fibrotic parameters. A tendency towards a decreased expression of the cytokine transforming growth factor β (TGFβ) was found, which among others is involved in signal transduction for regulation of the extracellular matrix. A significantly decreased expression of collagen1 was observed using mRNA and western blot analysis. In addition, a reduction in the macrophage chemotactic cytokines such as the monocyte chemotactic protein 1 (MCP-1) and the nuclear factor κ -light-chain-enhancer of activated B-cells (NF κ B) was shown in P2X7-KO animals, which are critical for the development and maintenance of an inflammatory reaction. In summary, in an animal model of chronic renal failure the P2X7 receptor deficiency protected against progression of kidney function impairment compared to wild-type animals.

Abkürzungsverzeichnis

ATP Adenosintriphosphat AKR Albumin-Kreatinin-Ratio ASC Apoptosis-associated speck-like protein containing a CARD cDNA Complementary deoxyribonucleic acid CRP C-reaktives Protein CCL5 CC-chemokine ligand 5 DAMP Damage-associated molecular pattern EDTA Ethylendiaminetraessigsäure ENac Epithelialer Natriumkanal ERK1 Extracellular-signal regulated kinase 1 ERK2 Extracellular-signal regulated kinase 2 ECM Extracellular-signal regulated kinase 1 FRCS Fluorescence-activated cell sorting GAPDH Glomeruläre Basalmembran ICAM-1 Interleukin 1 IL1α Interleukin 16 IL1a Interleukin 18 IL1b Interleukin 1 Rezeptor Typ II JNK C-Jun-N-terminale-Kinase <	APS	Ammonium persuphate solution				
AKR Albumin-Kreatinin-Ratio ASC Apoptosis-associated speck-like protein containing a CARD cDNA Complementary deoxyribonucleic acid CRP C-reaktives Protein CCL5 CC-chemokine ligand 5 DAMP Damage-associated molecular pattern EDTA Ethylendiamintetraessigsäure ENAC Epithelialer Natriumkanal ERK1 Extracellular-signal regulated kinase 1 ERK2 Extracellular-signal regulated kinase 2 ECM Extracellular-signal regulated kinase 2 ECM Extracellular matrix FACS Fluorescence-activated cell sorting GAPDH Glycerinaldehyd-3-phosphat GFR Glomeruläre Basalmembran ICAM-1 Interleukin 1α IL1 Interleukin 1β IL1 Interleukin 1β IL6 Interleukin 1β IL18 Interleukin 1 IL1-RA Interleukin 1 Rezeptor Typ II JNK C-Jun-N-terminale-Kinase KDIGO Kidney Disease: Improving Global Outcomes LP Latent TGF/binding protein LPS Lipopolysaccharid	ATP	Adenosintriphosphat				
ASC Apoptosis-associated speck-like protein containing a CARD cDNA Complementary deoxyribonucleic acid CRP C-reaktives Protein CCL5 CC-chemokine ligand 5 DAMP Damage-associated molecular pattern EDTA Ethylendiamintetraessigsäure ENac Epithelialer Natriumkanal ERK1 Extracellular-signal regulated kinase 2 ECM Extracellular-signal regulated kinase 2 ECM Extracellular-signal regulated kinase 2 ECM Extracellular-signal regulated kinase 2 FACS Fluorescence-activated cell sorting GAPDH Glomeruläre Basalmembran ICAM-1 Interleukin 1 IL10 Interleukin 10 IL11 Interleukin 16 IL12 Interleukin 16 IL13 Interleukin 18 IL148 Interleukin 18 IL178 Interleukin 1 Rezeptor Typ II JNK C-Jun-N-terminale-Kinase KDIGO Kidney Diesease: LiPp Latent TGF/binding protein LPS Lipopolysachar	AKR	Albumin-Kreatinin-Ratio				
containing a CARDcDNAComplementary deoxyribonucleic acidCRPC-reaktives ProteinCCL5CC-chemokine ligand 5DAMPDamage-associated molecular patternEDTAEthylendiamintetraessigsäureENacEpithelialer NatriumkanalERK1Extracellular-signal regulated kinase 1ERK2Extracellular-signal regulated kinase 2ECMExtracellular-signal regulated kinase 2ECMExtracellular matrixFACSFluorescence-activated cell sortingGAPDHGlycerinaldehyd-3-phosphatGFRGlomeruläre BasalmembranICAM-1Interleukin 1IL1Interleukin 1IL1Interleukin 16IL18Interleukin 16IL18Interleukin 18IL1RAInterleukin 18IL1RAInterleukin 18IL1-RAInterleukin 18I	ASC	Apoptosis-associated speck-like protein				
cDNAComplementary deoxyribonucleic acidCRPC-reaktives ProteinCCL5CC-chemokine ligand 5DAMPDamage-associated molecular patternEDTAEthylendiamintetraessigsäureENacEpithelialer NatriumkanalERK1Extracellular-signal regulated kinase 1ERK2Extracellular-signal regulated kinase 2ECMExtracellular-signal regulated kinase 1GAPDHGloreruläre BasalmembranICAM-1Intercellular adhesion molecule 1IL1Interleukin 1IL10Interleukin 100IL11Interleukin 11IL120Interleukin 18IL1-RAInterleukin 1 Rezeptor Typ IIJNKC-Jun-N-terminale-KinaseKDIGOKidney Disease: Improving GlobalOutcomesLatent TGF β -binding proteinLPSLipopolysaccharidmRNAMessenger ribonucleic acidMCP-1Moncyte chemotactic protein 1MMPMatrix-Metallo-ProteinaseMAPKMitogen-activated protein kinaseNLRNLR family pyrin domain containing 3NFxBActivated B-cellsPAMPPathogen-associated molecular pat		containing a CARD				
CRPC-reaktives ProteinCCL5CC-chemokine ligand 5DAMPDamage-associated molecular patternEDTAEthylendiamintetraessigsäureENacEpithelialer NatriumkanalERK1Extracellular-signal regulated kinase 1ERK2Extracellular-signal regulated kinase 2ECMExtracellular-signal regulated kinase 2ECMExtracellular-signal regulated kinase 2ECMExtracellular matrixFACSFluorescence-activated cell sortingGAPDHGlycerinaldehyd-3-phosphatGFRGlomeruläre FiltrationsrateGBMGlomeruläre BasalmembranICAM-1Interleukin 1IL1Interleukin 1IL1Interleukin 1IL1Interleukin 1IL1Interleukin 18IL18Interleukin 18IL1-RAInterleukin 18IL1-RAInterleukin 18IL1-RAInterleukin 18IL1-RAInterleukin 17IL1BInterleukin 18IL1-RAInterleukin 17IL2-RAInterleukin 17IL3Interleukin 18IL1-RAInterleukin 17IL7-RAInterleukin 17IL7-RAInterleukin 18IL1-RAInterleukin 17IL7-RAInterleukin 18IL7-RAInterleukin 18IL7-RAInterleukin 17IL7-RAInterleukin 17IL7-RAInterleukin 17IL7-RAInterleukin 17IL7-RAInterleukin 17IL7-RAInterleukin 18 <td>cDNA</td> <td colspan="5">Complementary deoxyribonucleic acid</td>	cDNA	Complementary deoxyribonucleic acid				
CCL5CC-chemokine ligand 5DAMPDamage-associated molecular patternEDTAEthylendiamintetraesigsäureENacEpithelialer NatriumkanalERK1Extracellular-signal regulated kinase 1ERK2Extracellular-signal regulated kinase 2ECMExtracellular-signal regulated kinase 2ECMExtracellular-signal regulated kinase 2ECMExtracellular-signal regulated kinase 2GAPDHGlycerinaldehyd-3-phosphatGFRGlomeruläre BasalmembranICAM-1Intercellular adhesion molecule 1IL1Interleukin 1IL1aInterleukin 10IL1bInterleukin 116IL1cInterleukin 118IL1aInterleukin 18IL1RAInterleukin 18IL1RAInterleukin 1 Rezeptor Typ IIJNKC-Jun-N-terminale-KinaseKDIGOKidney Disease: Improving Global OutcomesLAPLatency-associated peptideLTBPLatency-associated proteinLPSLipoplysaccharidMRNAMessenger ribonuclic acidMAPKMitogen-activated protein kinaseNLRNuclear factiv $_r$ -light-chain-enhancer of activated B-cellsPAMPPathogen-associated molecular patternPRPathogen-associated molecular patternPRPathogen-associated molecular patternPRPathogen-associated molecular patternPRPathogen-associated molecular patternPRPathogen-associated molecular patternPRPathogen-associated molecul	CRP	C-reaktives Protein				
DAMPDamage-associated molecular patternEDTAEthylendiamintetraessigsäureENacEpithelialer NatriumkanalERK1Extracellular-signal regulated kinase 1ERK2Extracellular-signal regulated kinase 2ECMExtracellular-signal regulated kinase 2ECMExtracellular-signal regulated kinase 2ECMExtracellular-signal regulated kinase 2ECMExtracellular matrixFACSFluorescence-activated cell sortingGAPDHGlomeruläre FiltrationsrateGBMGomeruläre BasalmembranICAM-1Intercellular adhesion molecule 1IL1Interleukin 1aIL1aInterleukin 1bIL6Interleukin 1bIL6Interleukin 1bIL18Interleukin 1 RezeptorantagonistIL1RIInterleukin 1 Rezeptor Typ IIJMKC-Jun-N-terminale-KinaseKDIGOKidney Disease: Improving Global OutcomesLAPLatency-associated peptideLTBPLatent TGFβ-binding proteinLPSLipopolysaccharidmRNAMessenger ribonucleic acidMAPKMitogen-activated protein kinaseNLRNucleotide-binding domain, leucine-rich repeatnepeatRactivated B-cellsPAMPPathogen-associated molecular patternPRPathogen-associated molecular patternPRPathogen-associated molecular patternPRPathogen-associated molecular patternPRPathogen-associated molecular patternPRPathogen-associated	CCL5	CC-chemokine ligand 5				
EDTA Ethylendiamintetraessigsäure ENac Epithelialer Natriumkanal ERK1 Extracellular-signal regulated kinase 1 ERK2 Extracellular-signal regulated kinase 2 ECM Extracellular-signal regulated kinase 2 FACS Fluorescence-activated cell sorting GAPDH Glycerinaldehyd-3-phosphat GFR Glomeruläre Filtrationsrate GBM Glomeruläre Basalmembran ICAM-1 Interleukin 1 IL1 Interleukin 1 IL1 Interleukin 1 IL18 Interleukin 18 IL1-8 Interleukin 18 IL1-8 Interleukin 1 Rezeptorantagonist IL1-8 Interleukin 1 Rezeptor Typ II JNK C-Jun-N-terminale-Kinase KDIGO Kidney Disease: Improving Global Outcomes LAP Latency-associated peptide LTBP Latent TGF/b-binding protein LPS Lipopolysaccharid MRNA Messenger ribonucleic acid MCP-1 Monocyte chemotactic protein 1 MMP Matrix-Metallo-Proteinase MAPK Mitogen-activated protein kinase </td <td>DAMP</td> <td>Damage-asssociated molecular pattern</td>	DAMP	Damage-asssociated molecular pattern				
ENacEpithelialer NatriumkanalERK1Extracellular-signal regulated kinase 1ERK2Extracellular-signal regulated kinase 2ECMExtracellular matrixFACSFluorescence-activated cell sortingGAPDHGlycerinaldehyd-3-phosphatGFRGlomeruläre FiltrationsrateGBMGlomeruläre BasalmembranICAM-1Intercellular adhesion molecule 1IL1Interleukin 1aIL1Interleukin 1bIL1Interleukin 1cIL6Interleukin 1bIL6Interleukin 1cIL18Interleukin 18IL17RAInterleukin 1 RezeptorantagonistIL18Interleukin 1 Rezeptor Typ IIJNKC-Jun-N-terminale-KinaseKDIGOKidney Disease: Improving Global OutcomesLAPLatent TGF/binding proteinLPSLipopolysaccharidMMPMatrix-Metallo-ProteinaseMAPKMitogen-activated protein 1MMPNatrix-Metallo-ProteinaseNLRNLR family pyrin domain, leucine-rich repeatNLRP3NLR family pyrin domain, containing 3NF_kBNucleat factor x-light-chain-enhancer of activated B-cellsPAMPPattern recognition receptorPRPattern recognition receptorPASPeriodic-acid-SchiffPCRPolymerase chain reactionPBSPhonshate buffered saline	EDTA	Ethylendiamintetraessigsäure				
ERK1Extracellular-signal regulated kinase 1ERK2Extracellular-signal regulated kinase 2ECMExtracellular matrixFACSFluorescence-activated cell sortingGAPDHGlycerinaldehyd-3-phosphatGFRGlomeruläre FiltrationsrateGBMIomeruläre BasalmembranICAM-1Intercellular adhesion molecule 1IL1Interleukin 1IL1 α Interleukin 1 α IL1 β Interleukin 6IL18Interleukin 18IL18Interleukin 18IL1-RAInterleukin 1 RezeptorantagonistIL1-RAInterleukin 1 Rezeptor Typ IIJNKC-Jun-N-terminale-KinaseKDIGOKidney Disease: Improving Global OutcomesLAPLatent TGF/>binding proteinLPSLipopolysaccharidMMPMatrix-Metallo-ProteinaseMAPKMitogen-activated protein 1MMPMatrix-Metallo-ProteinaseNLRNLR family pyrin domain containing 3NF_xBNLR factor x-light-chain-enhancer of activated B-cellsPAMPPathogen-associated molecular patternPPRPathogen-associated molecular patternPASPeriodic-acid-SchiffPASPeriodic-acid-SchiffPCRPolymerase chain reactionPBSPholymerase chain reaction	ENac	Epithelialer Natriumkanal				
ERK2Extracellular-signal regulated kinase 2ECMExtracellular matrixFACSFluorescence-activated cell sortingGAPDHGlomeruläre FiltrationsrateGBMGlomeruläre FiltrationsrateICAM-1Intercellular adhesion molecule 1IL1Interleukin 1IL1Interleukin 1IL1Interleukin 1IL1Interleukin 18IL16Interleukin 18IL17AInterleukin 18IL18Interleukin 1 RezeptorantagonistIL118Interleukin 1 Rezeptor Typ IIJNKC-Jun-N-terminale-KinaseKDIGOKidney Disease: Improving Global OutcomesLAPLatency-associated peptideLTBPLatent TGF/p-binding proteinLPSLipopolysaccharidMMPMatrix-Metallo-ProteinaseMAPKMitogen-activated protein 1MMPMatrix-Metallo-ProteinaseNLRNucleotide-binding domain, leucine-rich repeatNLRP3NLR family pyrin domain containing 3NF ₈ BNuclear factorlight-chain-enhancer of activated B-cellsPAMPPathogen-associated molecular patternPPRPathogen-associated molecular patternPASPeriodic-acid-SchiffPCRPolymerase chain reactionPBSPhomaste buffered saline	ERK1	Extracellular-signal regulated kinase 1				
ECMExtracellular matrixFACSFluorescence-activated cell sortingGAPDHGlycerinaldehyd-3-phosphatGFRGlomeruläre FlitrationsrateGBMGlomeruläre BasalmembranICAM-1Intercellular adhesion molecule 1IL1Interleukin 1IL1Interleukin 10IL1Interleukin 10IL2 <td>ERK2</td> <td>Extracellular-signal regulated kinase 2</td>	ERK2	Extracellular-signal regulated kinase 2				
FACSFluorescence-activated cell sortingGAPDHGlycerinaldehyd-3-phosphatGFRGlomeruläre FiltrationsrateGBMGlomeruläre BasalmembranICAM-1Intercellular adhesion molecule 1IL1Interleukin 1IL1 α Interleukin 1 α IL1 β Interleukin 1 β IL6Interleukin 6IL18Interleukin 18IL1-RAInterleukin 1 RezeptorantagonistIL1RIInterleukin 1 Rezeptor Typ IIJNKC-Jun-N-terminale-KinaseKDIGOKidney Disease: Improving Global OutcomesLAPLatency-associated peptideLTBPLatent TGF β -binding proteinLPSLipopolysaccharid mRNAMPMatrix-Metallo-ProteinaseMAPKMitogen-activated protein kinaseNLRNucleotide-binding domain, leucine-rich repeatNLRP3NLR family pyrin domain containing 3PAMPPathogen-associated molecular patternPPRPattern recognition receptorROSReactive oxygen speciesPAI1Plasminogen-Aktivator-Inhibitor 1PASPeriodic-acid-SchiffPCRPolymerase chain reactionPBSPhoshate buffered saline	ECM	Extracellular matrix				
GAPDHGlycerinaldehyd-3-phosphatGFRGlomeruläre FiltrationsrateGBMGlomeruläre BasalmembranICAM-1Intercellular adhesion molecule 1IL1Intercellular adhesion molecule 1IL1Interleukin 1IL1Interleukin 1IL1Interleukin 1IL1Interleukin 1IL6Interleukin 1IL18Interleukin 18IL1-RAInterleukin 1 Rezeptor Typ IIJNKC-Jun-N-terminale-KinaseKDIGOKidney Disease: Improving Global OutcomesLAPLatent TGF β-binding proteinLPSLipopolysaccharidMRNAMessenger ribonucleic acidMCP-1Monocyte chemotactic protein 1MMPMatrix-Metallo-ProteinaseNLRNuclear factor κ -light-chain-enhancer of activated B-cellsNLRP3NLR family pyrin domain containing 3NFxBPathogen-associated molecular patternPPRPathegn-associated molecular patternPPRPathogen-associated molecular patternPPRPathogen-associated molecular patternPRPathogen-associated molecular	FACS	Fluorescence-activated cell sorting				
GFRGlomeruläre FiltrationsrateGBMGlomeruläre BasalmembranICAM-1Intercellular adhesion molecule 1IL1Intercellular adhesion molecule 1IL1Intercellular adhesion molecule 1IL1Interleukin 1IL1Interleukin 1IL1Interleukin 1IL6Interleukin 18IL1-RAInterleukin 1 RezeptorantagonistIL1RIInterleukin 1 Rezeptor Typ IIJNKC-Jun-N-terminale-KinaseKDIGOKidney Disease: Improving Global OutcomesLAPLatency-associated peptideLTBPLatent TGF β-binding proteinLPSLipopolysaccharidMMPMatrix-Metallo-ProteinaseMAKMicgen-activated protein kinaseNLRNuclear factor κ -light-chain-enhancer of activated B-cellsPAMPPathogen-associated molecular patternPPRPattern recognition receptorROSReactive oxygen speciesPAI1Plasminogen-Aktivator-Inhibitor 1PASPeriodic-acid-SchiffPCRPolymerase chain reactionPBSPhonshate buffered saline	GAPDH	Glycerinaldehyd-3-phosphat				
GBMGlomeruläre BasalmembranICAM-1Intercellular adhesion molecule 1IL1Interleukin 1IL1 α Interleukin 1 α IL1 β Interleukin 1 α IL1 β Interleukin 1 α IL1Interleukin 1 α IL1Interleukin 1 α IL1Interleukin 1 α IL18Interleukin 1IL1-RAInterleukin 1 RezeptorantagonistIL1RIInterleukin 1 Rezeptor Typ IIJNKC-Jun-N-terminale-KinaseKDIGOKidney Disease: Improving Global OutcomesLAPLatency-associated peptideLTBPLatent TGF β -binding proteinLPSLipopolysaccharidMRNAMessenger ribonucleic acidMCP-1Monocyte chemotactic protein 1MMPMatrix-Metallo-ProteinaseMAPKMitogen-activated protein kinaseNLRP3NLR family pyrin domain containing 3NF_xBNuclear factor $*$ -light-chain-enhancer of activated B-cellsPAMPPattern recognition receptorPRPattern recognition receptorROSReactive oxygen speciesPA11Plasminogen-Aktivator-Inhibitor 1PRPattern recognition receptorROSPeriodic-acid-SchiffPCRPolymerase chain reactionPBSPhonshate buffered saline	GFR	Glomeruläre Filtrationsrate				
ICAM-1Intercellular adhesion molecule 1IL1Interleukin 1IL1αInterleukin 1αIL1βInterleukin 1βIL6Interleukin 6IL18Interleukin 1 RezeptorantagonistIL1-RAInterleukin 1 Rezeptor Typ IIJNKC-Jun-N-terminale-KinaseKDIGOKidney Disease: Improving Global OutcomesLAPLatency-associated peptideLTBPLatent TGFβ-binding proteinLPSLipopolysaccharidMRPMatrix-Metallo-ProteinaseMAPKMitogen-activated protein fNLRNucleotide-binding domain, leucine-rich repeatNLR93NLR family pyrin domain containing 3NFxBNuclear factor x-light-chain-enhancer of activated B-cellsPAMPPathgen-associated molecular patternPPRPathgen-associated molecular patternPRPathgen-associated molecular patternPRPeriodic-acid-SchiffPCRPolymerase chain reactionPBSPhonshate buffered saline	GBM	Glomeruläre Basalmembran				
IL1Interleukin 1IL1 α Interleukin 1 α IL1 β Interleukin 1 β IL6Interleukin 6IL18Interleukin 1IL1RAInterleukin 1Rezeptor Typ IIJNKC-Jun-N-terminale-KinaseKDIGOKidney Disease: Improving Global OutcomesLAPLatency-associated peptideLTBPLatency-associated peptideLTBPLatent TGF β -binding proteinLPSLipopolysaccharidMRNAMessenger ribonucleic acidMCP-1Monocyte chemotactic protein 1MMPMatrix-Metallo-ProteinaseNLRNucleotide-binding domain, leucine-rich repeatNLR93NLR family pyrin domain containing 3NF _k BNuclear factor κ -light-chain-enhancer of activated B-cellsPAMPPathogen-associated molecular patternPPRPattern recognition receptorROSReactive oxygen speciesPA11Plasminogen-Aktivator-Inhibitor 1PRPeriodic-acid-SchiffPCRPolymerase chain reactionPBSPhoshate buffered saline	ICAM-1	Intercellular adhesion molecule 1				
IL1 α Interleukin 1 α IL1 β Interleukin 1 β IL6Interleukin 6IL18Interleukin 1 RezeptorantagonistIL1-RAInterleukin 1 Rezeptor Typ IIJNKC-Jun-N-terminale-KinaseKDIGOKidney Disease: Improving Global OutcomesLAPLatency-associated peptideLTBPLatent TGF β -binding proteinLPSLipopolysaccharidMMPMatrix-Metallo-ProteinaseMAPKMitogen-activated protein kinaseNLRNLRNLRP3NLR family pyrin domain containing 3NF_xBNuclear factor κ -light-chain-enhancer of activated B-cellsPAMPPathogen-associated molecular patternPPRPattern recognition receptorROSReactive oxygen speciesPAI1Plasminogen-Aktivator-Inhibitor 1PASPeriodic-acid-SchiffPCRPolymerase chain reactionPBSPhoshate buffered saline	IL1	Interleukin 1				
IL1 β Interleukin 1 β IL6Interleukin 6IL18Interleukin 1IL1-RAInterleukin 1Rezeptor Typ IIJNKC-Jun-N-terminale-KinaseKDIGOKidney Disease: Improving Global OutcomesLAPLatency-associated peptideLTBPLatent TGF/3-binding proteinLPSLipopolysaccharidMMPMatrix-Metallo-ProteinaseMAPKMitogen-activated protein kinaseNLRNucleotide-binding domain, leucine-rich repeatNLRP3NLR family pyrin domain containing 3NFxBNucleat factor x-light-chain-enhancer of activated B-cellsPAMPPathogen-associated molecular patternPPRPattern recognition receptorROSReactive oxygen speciesPA11Plasminogen-Aktivator-Inhibitor 1PASPeriodic-acid-SchiffPCRPolymerase chain reactionPBSPhonshate buffered saline	IL1α	Interleukin 1α				
IL6 Interleiukin 6 IL18 Interleukin 18 IL1-RA Interleukin 1 Rezeptor antagonist IL1RI Interleukin 1 Rezeptor Typ II JNK C-Jun-N-terminale-Kinase KDIGO Kidney Disease: Improving Global Outcomes LAP Latency-associated peptide LTBP Latent TGFβ-binding protein LPS Lipopolysaccharid mRNA Messenger ribonucleic acid MCP-1 Monocyte chemotactic protein 1 MMP Matrix-Metallo-Proteinase MAPK Mitogen-activated protein kinase NLR Nucleotide-binding domain, leucine-rich repeat NLRP3 NLR family pyrin domain containing 3 NF _x B Nuclear factor _x -light-chain-enhancer of activated B-cells PAMP Pathogen-associated molecular pattern PPR Pattern recognition receptor ROS Reactive oxygen species PAI1 Plasminogen-Aktivator-Inhibitor 1 PAS Periodic-acid-Schiff PCR Polymerase chain reaction PBS Phonshate buffered saline	IL16	Interleukin 1ß				
IL18 Interleukin 18 IL1-RA Interleukin 1 Rezeptorantagonist IL1RII Interleukin 1 Rezeptor Typ II JNK C-Jun-N-terminale-Kinase KDIGO Kidney Disease: Improving Global Outcomes LAP Latency-associated peptide LTBP Latent TGFβ-binding protein LPS Lipopolysaccharid mRNA Messenger ribonucleic acid MCP-1 Monocyte chemotactic protein 1 MMP Matrix-Metallo-Proteinase MAPK Mitogen-activated protein kinase NLR Nucleotide-binding domain, leucine-rich repeat NLRP3 NLR family pyrin domain containing 3 NF _K B Nuclear factor _K -light-chain-enhancer of activated B-cells PAMP Pathogen-associated molecular pattern PPR Pattern recognition receptor ROS Reactive oxygen species PAI1 Plasminogen-Aktivator-Inhibitor 1 PAS Periodic-acid-Schiff PCR Polymerase chain reaction PBS Phosphate buffered saline	IL6	Interleiukin 6				
IL1-RA Interleukin 1 Rezeptorantagonist IL1RI Interleukin 1 Rezeptor Typ II JNK C-Jun-N-terminale-Kinase KDIGO Kidney Disease: Improving Global Outcomes LAP Latency-associated peptide LTBP Latent TGFβ-binding protein LPS Lipopolysaccharid MRNA Messenger ribonucleic acid MCP-1 Monocyte chemotactic protein 1 MMP Matrix-Metallo-Proteinase MAPK Mitogen-activated protein kinase NLR Nucleotide-binding domain, leucine-rich repeat NLRP3 NLR family pyrin domain containing 3 NFxB Nuclear factor x-light-chain-enhancer of activated B-cells PAMP Pathogen-associated molecular pattern PPR Pattern recognition receptor ROS Reactive oxygen species PAI1 Plasminogen-Aktivator-Inhibitor 1 PAS Polymerase chain reaction PBS Phopshate buffered saline	IL18	Interleukin 18				
IL1RII Interleukin 1 Rezeptor Typ II JNK C-Jun-N-terminale-Kinase KDIGO Kidney Disease: Improving Global Outcomes LAP Latency-associated peptide LTBP Latent TGFβ-binding protein LPS Lipopolysaccharid mRNA Messenger ribonucleic acid MCP-1 Monocyte chemotactic protein 1 MMP Matrix-Metallo-Proteinase MAPK Mitogen-activated protein kinase NLR Nucleotide-binding domain, leucine-rich repeat NLRP3 NLR family pyrin domain containing 3 NF _K B Nuclear factor κ-light-chain-enhancer of activated B-cells PAMP Pathogen-associated molecular pattern PPR Pattern recognition receptor ROS Reactive oxygen species PAI1 Plasminogen-Aktivator-Inhibitor 1 PAS Periodic-acid-Schiff PCR Polymerase chain reaction PBS Phyperase chain reaction	IL1-RA	Interleukin 1 Rezeptorantagonist				
JNK C-Jun-N-terminale-Kinase KDIGO Kidney Disease: Improving Global Outcomes LAP Latency-associated peptide LTBP Latent TGFβ-binding protein LPS Lipopolysaccharid mRNA Messenger ribonucleic acid MCP-1 Monocyte chemotactic protein 1 MMP Matrix-Metallo-Proteinase MAPK Mitogen-activated protein kinase NLR Nucleotide-binding domain, leucine-rich repeat NLRP3 NLR family pyrin domain containing 3 NF _κ B Nuclear factor _κ -light-chain-enhancer of activated B-cells PAMP Pathogen-associated molecular pattern PPR Reactive oxygen species PAI1 Plasminogen-Aktivator-Inhibitor 1 PAS Periodic-acid-Schiff PCR Polymerase chain reaction PBS Phonshate buffered saline	IL1RII	Interleukin 1 Rezeptor Typ II				
KDIGOKidney Disease: Improving Global OutcomesLAPLatency-associated peptideLTBPLatent TGFβ-binding proteinLPSLipopolysaccharidmRNAMessenger ribonucleic acidMCP-1Monocyte chemotactic protein 1MMPMatrix-Metallo-ProteinaseMAPKMitogen-activated protein kinaseNLRNucleotide-binding domain, leucine-rich repeatNLRP3NLR family pyrin domain containing 3NFκBPathogen-associated molecular pattern PPRPAMPPattern recognition receptorROSReactive oxygen speciesPAI1Plasminogen-Aktivator-Inhibitor 1PASPolymerase chain reactionPBSPhonshate buffered saline	JNK	C-Jun-N-terminale-Kinase				
Outcomes LAP Latency-associated peptide LTBP Latent TGFβ-binding protein LPS Lipopolysaccharid mRNA Messenger ribonucleic acid MCP-1 Monocyte chemotactic protein 1 MMP Matrix-Metallo-Proteinase MAPK Mitogen-activated protein kinase NLR Nucleotide-binding domain, leucine-rich repeat NLRP3 NLR family pyrin domain containing 3 NF _κ B Nuclear factor κ-light-chain-enhancer of activated B-cells PAMP Pathogen-associated molecular pattern PPR Pattern recognition receptor ROS Reactive oxygen species PAI1 Plasminogen-Aktivator-Inhibitor 1 PAS Periodic-acid-Schiff PCR Polymerase chain reaction PBS Phonshate buffered saline	KDIGO	Kidney Disease: Improving Global				
LAPLatency-associated peptideLTBPLatent TGF β -binding proteinLPSLipopolysaccharidmRNAMessenger ribonucleic acidMCP-1Monocyte chemotactic protein 1MMPMatrix-Metallo-ProteinaseMAPKMitogen-activated protein kinaseNLRNucleotide-binding domain, leucine-rich repeatNLRP3NLR family pyrin domain containing 3NFxBNuclear factor κ -light-chain-enhancer of activated B-cellsPAMPPathogen-associated molecular patternPPRPattern recognition receptorROSReactive oxygen speciesPAI1Plasminogen-Aktivator-Inhibitor 1PASPolymerase chain reactionPBSPhopshate buffered saline		Outcomes				
LTBPLatent TGFβ-binding proteinLPSLipopolysaccharidmRNAMessenger ribonucleic acidMCP-1Monocyte chemotactic protein 1MMPMatrix-Metallo-ProteinaseMAPKMitogen-activated protein kinaseNLRNucleotide-binding domain, leucine-rich repeatNLRP3NLR family pyrin domain containing 3NF _κ BNuclear factor κ-light-chain-enhancer of activated B-cellsPAMPPathogen-associated molecular pattern PPRPPRPattern recognition receptorROSReactive oxygen speciesPAI1Plasminogen-Aktivator-Inhibitor 1PASPolymerase chain reactionPBSPhonshate buffered saline	LAP	Latency-associated peptide				
LPSLipopolysaccharidmRNAMessenger ribonucleic acidMCP-1Monocyte chemotactic protein 1MMPMatrix-Metallo-ProteinaseMAPKMitogen-activated protein kinaseNLRNucleotide-binding domain, leucine-rich repeatNLRP3NLR family pyrin domain containing 3NFxBNuclear factor k-light-chain-enhancer of activated B-cellsPAMPPathogen-associated molecular pattern PPRPPRPattern recognition receptorROSReactive oxygen speciesPAI1Plasminogen-Aktivator-Inhibitor 1PASPeriodic-acid-SchiffPCRPolymerase chain reactionPBSPhonshate buffered saline	LTBP	Latent TGF β -binding protein				
mRNAMessenger ribonucleic acidMCP-1Monocyte chemotactic protein 1MMPMatrix-Metallo-ProteinaseMAPKMitogen-activated protein kinaseNLRNucleotide-binding domain, leucine-rich repeatNLRP3NLR family pyrin domain containing 3NF _κ BNuclear factor _κ -light-chain-enhancer of activated B-cellsPAMPPathogen-associated molecular pattern PPRPPRPattern recognition receptorROSReactive oxygen speciesPAI1Plasminogen-Aktivator-Inhibitor 1PASPolymerase chain reactionPBSPhopshate buffered saline	LPS	Lipopolysaccharid				
MCP-1Monocyte chemotactic protein 1MMPMatrix-Metallo-ProteinaseMAPKMitogen-activated protein kinaseNLRNucleotide-binding domain, leucine-rich repeatNLRP3NLR family pyrin domain containing 3NF _κ BNuclear factor _κ -light-chain-enhancer of activated B-cellsPAMPPathogen-associated molecular pattern PPRPPRPattern recognition receptorROSReactive oxygen speciesPAI1Plasminogen-Aktivator-Inhibitor 1PASPolymerase chain reactionPBSPhopshate buffered saline	mRNA	Messenger ribonucleic acid				
MMPMatrix-Metallo-ProteinaseMAPKMitogen-activated protein kinaseNLRNucleotide-binding domain, leucine-rich repeatNLRP3NLR family pyrin domain containing 3NF _K BNuclear factor _K -light-chain-enhancer of activated B-cellsPAMPPathogen-associated molecular pattern PPRPPRPattern recognition receptorROSReactive oxygen speciesPAI1Plasminogen-Aktivator-Inhibitor 1PASPeriodic-acid-SchiffPCRPolymerase chain reactionPBSPhopshate buffered saline	MCP-1	Monocyte chemotactic protein 1				
MAPKMitogen-activated protein kinaseNLRNucleotide-binding domain, leucine-rich repeatNLRP3NLR family pyrin domain containing 3NFκBNuclear factor κ-light-chain-enhancer of activated B-cellsPAMPPathogen-associated molecular patternPPRPattern recognition receptorROSReactive oxygen speciesPAI1Plasminogen-Aktivator-Inhibitor 1PASPeriodic-acid-SchiffPCRPolymerase chain reactionPBSPhopshate buffered saline	MMP	Matrix-Metallo-Proteinase				
NLRNucleotide-binding domain, leucine-rich repeatNLRP3NLR family pyrin domain containing 3NF _k BNuclear factor _k -light-chain-enhancer of activated B-cellsPAMPPathogen-associated molecular pattern PPRPPRPattern recognition receptorROSReactive oxygen speciesPAI1Plasminogen-Aktivator-Inhibitor 1PASPeriodic-acid-SchiffPCRPolymerase chain reactionPBSPhonshate buffered saline	МАРК	Mitogen-activated protein kinase				
repeatNLRP3NLR family pyrin domain containing 3NF _K BNuclear factor _k -light-chain-enhancer of activated B-cellsPAMPPathogen-associated molecular patternPPRPattern recognition receptorROSReactive oxygen speciesPAI1Plasminogen-Aktivator-Inhibitor 1PASPeriodic-acid-SchiffPCRPolymerase chain reactionPBSPhopshate buffered saline	NLR	Nucleotide-binding domain, leucine-rich				
NLRP3NLR family pyrin domain containing 3NF _κ BNuclear factor κ-light-chain-enhancer of activated B-cellsPAMPPathogen-associated molecular patternPPRPattern recognition receptorROSReactive oxygen speciesPAI1Plasminogen-Aktivator-Inhibitor 1PASPeriodic-acid-SchiffPCRPolymerase chain reactionPBSPhopshate buffered saline		repeat				
NF _κ BNuclear factor κ-light-chain-enhancer of activated B-cellsPAMPPathogen-associated molecular patternPPRPattern recognition receptorROSReactive oxygen speciesPAI1Plasminogen-Aktivator-Inhibitor 1PASPeriodic-acid-SchiffPCRPolymerase chain reactionPBSPhopshate buffered saline	NLRP3	NLR family pyrin domain containing 3				
activated B-cellsPAMPPathogen-associated molecular patternPPRPattern recognition receptorROSReactive oxygen speciesPAI1Plasminogen-Aktivator-Inhibitor 1PASPeriodic-acid-SchiffPCRPolymerase chain reactionPBSPhopshate buffered saline	NF _κ B	Nuclear factor _k -light-chain-enhancer of				
PAMPPathogen-associated molecular patternPPRPattern recognition receptorROSReactive oxygen speciesPAI1Plasminogen-Aktivator-Inhibitor 1PASPeriodic-acid-SchiffPCRPolymerase chain reactionPBSPhopshate buffered saline		activated B-cells				
PPRPattern recognition receptorROSReactive oxygen speciesPAI1Plasminogen-Aktivator-Inhibitor 1PASPeriodic-acid-SchiffPCRPolymerase chain reactionPBSPhopshate buffered saline	PAMP	Pathogen-associated molecular pattern				
ROSReactive oxygen speciesPAI1Plasminogen-Aktivator-Inhibitor 1PASPeriodic-acid-SchiffPCRPolymerase chain reactionPBSPhopshate buffered saline	PPR	Pattern recognition receptor				
PAI1 Plasminogen-Aktivator-Inhibitor 1 PAS Periodic-acid-Schiff PCR Polymerase chain reaction PBS Phopshate buffered saline	ROS	Reactive oxygen species				
PAS Periodic-acid-Schiff PCR Polymerase chain reaction PBS Phopshate buffered saline	PAI1	Plasminogen-Aktivator-Inhibitor 1				
PCR Polymerase chain reaction PBS Phopshate buffered saline	PAS	Periodic-acid-Schiff				
PBS Phonshate buffered saline	PCR	Polymerase chain reaction				
	PBS	Phopshate buffered saline				

qPCR	Quantitative polymerase chain reaction			
RAAS	Renin-Angiotensin-Aldosteron-System			
RANTES	Regulated and normal t cell expressed			
	and secreted			
SDS	Sodium dodecyl sulfate			
Tris	Trishydroxymethylaminoethan			
TEMED	Tetramethylethylendiamin			
TGFβ	Transforming growth factor β			
ΤΝFα	Tumornekrose Faktor α			
TLR	Toll-like Rezeptor			
ΤβRΙ	TGFβ Rezeptor Typ I			
ΤβRΙΙ	TGFβ Rezeptor Typ II			
TIMP	Tissue inhibitor of metalloproteinases			
tPA	Tissue plasminogen activator			
uPA	Urokinase plasminogen activator			
UUO	Unilaterale Ureterobstruktion			

Inhaltsverzeichnis

1 Einleitung	. 1
1.1 Anatomie, Funktion und Physiologie der Niere	. 1
1.2 Chronische Niereninsuffizienz	. 4
1.3 Purinerge Rezeptoren	8
1.4 Rolle der P2X7 Rezeptoren bei der chronischen Niereninsuffizienz 1	10
1.5 Ziel dieser Arbeit 1	11
2 Methoden 1	12
2.1 Versuchstiere und Versuchstierhaltung1	12
2.2 Subtotale Nephrektomie 1	12
2.3 Stoffwechselkäfige und Sammelurin1	13
2.4 Blutentnahme 1	13
2.5 Blutdruckmessung 1	14
2.6 Quantitative Messung einzelner Parameter im Urin 1	14
2.7 Quantitative Albuminbestimmung im Urin 1	15
2.8 Quantitative Cystatin C-Bestimmung im Serum 1	15
2.9 Organentnahme 1	15
2.10 Quantitative Real-time-PCR (qPCR) 1	16
2.11 Proteinanalyse1	17
2.11.1 Proteinisolierung	17
2.11.2 Proteinbestimmung	18
2.11.3 Herstellung der Trenn- und Sammelgele	18
2.11.4 Elektrophorese und Western Blot	18
2.12 Herstellung der Parraffinblöcke und -schnitte	19
2.13 PAS-Färbung 2	20
2.14 Masson-Trichrome-Färbung 2	21
2.15 Statistik	22
3 Ergebnisse	23
3.1 Physiologische Daten	23

3.1.1 Körpergewicht	23
3.1.2 Nierengewicht zum Zeitpunkt der OP (Beginn Versuchszeitraum Tag 0)	24
3.1.3 Nierengewicht zum Zeitpunkt der Organentnahme (Beginn Versuchszeitraum Tag 35)	25
3.1.4 Herzgewicht und Blutdruck	26
3.2 Urinanalysen	26
3.2.1 Harnstoff-Messungen	26
3.2.2 Kreatinin-Messungen	27
3.2.3 Albumin-Kreatinin-Ratio	28
3.3 Serumanalysen	29
3.3.1 Cystatin C	29
3 4 Genexpressionsanalyse	31
3.4.1 Real-time PCR	31
3.4.2 Fibrosemarker	31
3.4.3 Entzündungsmarker	32
3.5 Proteinanalyse	32
3.5.1 Collagen1-Blot	JZ
	02
3.6 Histologie	34
3.6.1 PAS-Färbung	34
3.6.2 Masson-Trichrome-Farbung	35
4 Diskussion	38
4.1 Verlauf der chronischen Niereninsuffizienz am Modell der subto	talen
Nephrektomie	38
4.2 Unterschiede in der Nierenfunktion	20
	55
4.3 Einfluss des P2X7-Rezeptors auf Inflammation	41
4.4 Einfluss von Inflammation auf chronische Niereninsuffizienz, intersti	tielle
Fibrose und Proteinurie	43
4.5 P2X7-Rezentor und Blutdruck	<u>/0</u>
	43
4.6 Relevanz der Untersuchung und Ausblick auf mögliche Folgearbeiten	ı 50
5 Literaturverzeichnis	51

1 Einleitung

1.1 Anatomie, Funktion und Physiologie der Niere

Die Niere ist ein paarig angelegtes, parenchymatöses Organ mit einer retroperitonealen Lage und einem Einzelgewicht von circa 120 bis 200 g beim Menschen, das der Eliminierung bestimmter Stoffwechselprodukte und der Regulation des Elektrolyt-, Wasser- und Säure-Basenhaushaltes dient. Überdies erfüllt sie endokrinologische Funktionen. Sie ist beispielsweise beteiligt an der Synthese des Glykoprotein-Hormons Erythropoetin, das stimulierend auf die Erythropoese wirkt, an der Biosynthese von Vitamin D3, das eine wesentliche Rolle in der Regulation des Calciumstoffwechsels spielt, sowie an der Regulation des Blutdrucks über das Renin-Angiontensin-Aldosteron-System. Um diese Funktionen zu gewährleisten, wird die Niere von ca. 20% des Herzzeitvolumens perfundiert. Die funktionelle Grundeinheit der Niere ist das Nephron bestehend aus Glomerulus, Tubulussystem und Sammelrohr.



Abb. 1: Schematische Struktur eines Glomerulus modifiziert nach Pollak et al. (Pollak, Quaggin, Hoenig, & Dworkin, 2014) mit Genehmigung der American Society of Nephrology

Das Glomerulus ist die Filtrationseinheit der Niere, das aus Gefäßpol, Endothelzellen, Mesangiumzellen, viszeralen und parietalen Epithelzellen und der Basalmembran besteht, sowie einen Durchmesser von circa 150 µm hat. Am Gefäßpol finden sich das Vas afferens und efferens, die der Blutversorgung des Glomerulus dienen. Aus ihnen entspringt das Kapillarschlingennetz des Glomerulus. Die glomeruläre Filtereinheit besteht aus drei Schichten: den Endothelzellen, die eine fenestrierte Endothelzellschicht bilden, der Basalmembran und den Podozyten. Hierduch wird eine Porenfunktion erfüllt, welche Grundlage der Filtration darstellt. Durch ihre anatomische Lage tritt sie in direkte Interaktion mit den Bestandteilen des Blutes. Das Mesangium wird gebildet durch die Mesangiumzellen und die mesangiale Matrix. Es besitzt kontraktile Eigenschaften und kann neben der Collagensynthese, immunologische Eigenschaften wie die Phagozytose von Pathogenen erfüllen. Viszerale und parietale Epithelzellen bilden gemeinsam die sogenannte Bowman-Kapsel. Der viszerale Teil der Bowman-Kapsel wird durch Podozyten gebildet, die sowohl mit der Basalmembran als auch über die podozytären Fußfortsätze miteinander in Verbindung stehen. Zwischen den interdigitierenden Fußfortsätzen spannt sich die podozytäre Schlitzmembran zur Filtration auf. Parietale Epithelzellen sind dicht gelagerte polygonale Zellen, die bei bestimmten glomerulären Erkrankungen wie der fokal segmentalen Glomerulonephritis ausgeprägte Proliferationen zeigen können (Smeets et al., 2011). Die Basalmembran fungiert als Trennschicht zwischen den viszeralen Podozyten der Bowman-Kapsel und den glomerulären Endothelzellen und ist eine größen- und ladungsselektive Diffusions- und Filtrationsbarriere. Auf das Glomerulus folgt nachgeschaltet das komplexe Tubulussystem des Nephrons, bestehend aus proximalem Tubulus, der Henle-Schleife und dem distalen Tubulus. Im proximalen Tubulus finden sich durch einen Bürstensaum gekennzeichnetes Epithel. Hier findet circa 60 % der isotonischen Rückresorption des im Glomerulus filtrierten Primärharnes statt. Die Henle-Schleife besteht aus einem dünnen absteigenden, einem dünnen aufsteigenden und einem dicken aufsteigenden Teil. In ersterem findet sich das membranständige Aquaporin 1, das eine gute Durchlässigkeit für Wasser gewährleistet. Der dann folgende dünne aufsteigende Teil hingegen zeigt eine gute Permeabilität für Ionen, allerdings keine Expression von Aquaporin 1. Im letzten, ebenfalls wasserundurchlässigen Teil der Henle-Schleife findet vermehrt Natriumchlorid-Rückresorption statt. Anschließend folgt der distale Tubulus, der eine Kontaktstelle mit dem Glomerulus an der Macula densa des Gefäßpols aufweist, den sogenannten juxtaglomerulären Apparat. Dieser trägt entscheidend zur renalen Regulation des Elektrolythaushaltes und des Blutdrucks bei. Im Bereich der Macula densa kann über einen chemosensitiven Natrium-Kalium-Chlorid-Symporter die Konzentration dieser Elekrotlyte im Harn des distalen Tubulus gemessen werden und so der Konzentrationsgradient zum Vas afferens detektiert werden. Zeigt sich der Urin beispielsweise hyperosmolar, so kann durch Sekretion von Adenosin aus den Macula densa Zellen eine Vasokonstriktion in der glatten Muskulatur der Vasa afferentes bewirkt werden. Der hierüber reduzierte Harnfluss im Bereich der Henle-Schleife begünstigt eine vermehrte Rückresoprtion von lonen aus dem Harn aufgrund einer verlängerten Latenz, damit die

Ionenkonzentration im distalen Tubulus abnimmt. Im Falle eines hypoosmolaren Urins kommt es zur Sekretion von Renin aus der epitheloiden Myozyten im Bereich der Wand des Vas afferens in den Blutkreislauf, was zu einer Aktivierung des Renin-Angiotensin-Aldosteron-Systems (RAAS-System) führt und über eine Vasokonstriktion einen Anstieg des Blutdrucks bewirkt. Renal erfolgt dies vor allem im Bereich des Vas efferens, wodurch der Druck im Glomerulus und die glomeluräre Filtrationsrate steigen und nachfolgend die Natriumexkretion angepasst wird. Zusätzlich existiert am juxtaglomerulärem Apparat ein Feedbackmechanismus, der über Messung von Elektrolytkonzentrationen Einfluss auf den Tonus der afferenten Arteriole nehmen kann. Hierbei sind zwei Mechanismen relevant, zum einen die mvogene Kontrolle des Gefäßtonus durch schnelle Ånderung des Perfusionsdruckes in einem Gefäß und zum anderen die Kontrolle durch die vasoaktive Substanz Adenosin. Der distale Tubulus mündet in das Sammelrohr als letzten Teil des Nephrons. Das Sammelrohr kann über verschiedene Hormone stimuliert werden. So induziert das Antiduretische Hormon den Einbau von Aquaporin 2, das eine erhöhte Permeabilität des Sammelrohrsfür Wasser bewirkt und so dessen Rückresorption verstärkt. Das Hormon Aldosteron induziert hier den Einbau luminaler Natriumkanäle (ENac) und Natrium-Kalium-ATPasen in die apikale Plasmamembran der Hauptzellen zur vermehrten Rückresorption von Natrium und dadurch osmotisch verstärkter Wasserrückresorption (Koushanpour, 2013; Schrier & Schrier, 1997).

Die Aufrechterhaltung des renalen Blutflusses ist essenziell, damit die Niere ihre regulatorische Funktion suffizient erfüllen kann. Intrarenal ist der Cortex am dichtesten perfundiert. Der renale Blutfluss wird grundsätzlich aber durch den Druck in Arteria und Vena renalis und den Gefäßwiderstand bestimmt. Die afferenten und efferenten Arteriolen können durch Tonusänderung in den Gefäßwänden eine sensible Aufrechterhaltung des notwendigen Mitteldruckes gewährleisten, so dass eine Autoregulation der renalen Durchblutung entsteht (Siegenthaler, 2006).

1.2 Chronische Niereninsuffizienz

Die chronische Niereninsuffizienz wird definiert als Abweichungen von der normalen Nierenstruktur und/oder -funktion, die länger als 3 Monate bestehen und negative Auswirkungen auf den allgemeinen Gesundheitszustand haben. Die Klassifikation nach KDIGO (The Kidney Disease: Improving Global Outcomes) erfolgt anhand der Grunderkrankung des Patienten, der glomerulären Filtrationsrate und dem Grad der Albuminurie (Levin, 2013a). Turin et al. konnten diesbezüglich zeigen, dass bereits kurzfristige, aber auch jährliche, geringgradige Änderungen der zuvor genannten Nierenfunktionsparameter einen negativen Einfluss auf die Gesamtmortalität eines Patienten haben können (Turin et al., 2012a, 2012b, 2013). Tabelle 1: Progredienzsrisiko der chronischen Niereninsuffizienz nach Farbintensität (modifiziert nach KDIGO (Levin, 2013b)). Steigendes Risiko von grün nach rot. Grün: jährliche Kontrolluntersuchung notwendig (wenn keine zusätzlichen krankheitsrelevanten Auffälligkeiten vorliegen), gelb: jährliche Kontrolluntersuchung notwendig, orange: 2-mal jährliche Kontrolluntersuchung notwendig, rot: mindestens 4-mal jährliche Kontrolluntersuchung notwendig; GFR = glomeruläre Filtrationsrate, AKR = Albumin-Kreatinin-Ratio.

				Albuminurie-Kategorie			
					(mg/g)		
Chronische Niereninsuffizienz nach Albuminurie-					A1	A2	A3
und GFR-Katego	orien				Normal	Moderat	Stark
				bis	erhöht	erhöht	
				leicht			
				erhöht			
				AKR	AKR 30	AKR	
				<30	- 300	>300	
	-				mg/g	mg/g	mg/g
	G1	Normal	oder	≥90	1	1	2
		hoch					
	G2	Mild		60 –	1	1	2
		eingeschrär	nkt	89			
	G3a	Mild	bis	45 –	1	2	4+
GFR-Kategorie		moderat		59			
(ml/min/1,73m²)		eingeschränkt					
	G3b	Moderat	bis	30 –	2	4+	4+
		schwer		44			
		eingeschränkt					
	G4	Schwer		15 –	4+	4+	4+
		eingeschrär	nkt	29			
	G5	Nierenversa	agen	<15	4+	4+	4+

Im europäischen Durchschnitt liegt die Inzidenz der terminalen Niereninsuffizienz bei etwa 135 pro 1.000.000 Einwohner pro Jahr, die Prävalenz bei circa 700 pro 1.000.000. Im US-amerikanischen Raum zeigt sich im Vergleich eine Inzidenz von 336 pro 1.000.000 Einwohner pro Jahr und eine Prävalenz von 1403 pro 1.000.000 (Meguid El Nahas & Bello, 2005), bedingt durch höhere Inzidenzen sowie Prävelanezen der ursächlichen Grunderkrankungen.

Die Behandlungsoptionen chronischer Niereninsuffizienz umfassen zunächst die Behandlung der Grunderkrankung und der Risikofaktoren, sowie die Behandlung der sekundären Folgeerkrankungen wie z.B. renaler Anämie, metabolischer Azidose, Störungen der Vitamin D-, Calcium- und Phosphathomöostase, einer Hypertonie und Störungen des Volumenstatus. Im Falle einer terminalen Niereninsuffizienz kommen Nierenersatzverfahren (Hämodialyse, die Peritonealdialyse oder die Nierentransplantation) zum Einsatz. Die Inzidenz von Nierenersatzverfahren bei Patienten mit chronischer Niereninsuffizienz lag 2012 in Europa in der Altergruppe der 65 – 74-Jährigen bei 25%, die Prävalenz bei 22%. Bezogen auf die Altergruppe der über 75-Jährigen lagen die Inzidenz bei 30% und die Prävalenz bei 20% (Pippias et al., 2015). Führend für die Entwicklung und das Fortschreiten einer chronischen Niereninsuffizienz sind mit circa 45% der Diabetes mellitus Typ 2 und mit circa 20% die arterielle Hypertonie mit vaskulärer Nephropathie. Zusätzlich sind Glomerulonephritiden und Systemerkrankungen mit Nierenbeteiligung wie bespielsweise Vaskulitiden ätiologisch bedeutsam (Weiner, 2007).

Histologisch lassen sich verglichen mit einem Normalbefund Veränderungen an nahezu allen Strukturen der Niere beobachten. Im Rahmen einer vaskulären Nephropathie zeigen sich Veränderungen im Bereich der Gefäßarchitektur mit Zunahme von Hyalin- und Collagenfasern, die zu einer Arteriolosklerose führen. Im Bereich der Glomeruli führt dies zu einer Sklerose mit Zunahme der mesangialen Matrix und Fibrosereaktion, was mit einem zunehmenden Funktionsverlust einergeht (Seccia, Caroccia, & Calo, 2017). Bei der Entwicklung der tubulointerstitiellen Fibrose bei renalen Erkrankungen kommt dem Transforming growth factor β (TGFβ) eine Schlüsselfunktion zu (Bottinger, 2007; W. Wang, Koka, & Lan, 2005). Tierexperimentelle Arbeiten mit transgenen Mäusen, die hohe Konzentrationen an TGF^β in Hepatozyten produzierten, zeigten deutliche histologische Veränderung wie beispielsweise Expansion des Mesangiums, tubulointerstitielle Fibrose und tubuläre Atrophie. Weiterhin entwickelten diese Tiere konsekutiv eine Proteinurie, die zu weiterer Nierenfunktionseinschränkung führte (Kopp et al., 1996; Sanderson et al., 1995). In einem Modell der unilateralen Ureterobstruktion haben Moon et. al gezeigt, dass durch selektive Inhibition des TGFβ-Signalweges signifikant geringere fibrotische Veränderungen in Rattennieren nachzuweisen waren, aber auch eine geringere Expression von TGFß zu detektieren war (Moon, Kim, Cho, Sheen, & Kim, 2006). Stimuliert wird die TGFß Exkretion durch das pro-inflammatorische Zytokin Interleukin 1 (IL1) (Gabay,

Lamacchia, & Palmer, 2010). In Mausmodellen mit ischämischem Reperfusionsschaden konnte gezeigt werden, dass durch IL1 die renale Schädigung durch vermehrtes Auftreten von Makrophagen und neutrophilen Granulozyten gesteigert wurde (Furuichi et al., 2006). Supression der Interleukinwirkung zeigte eine Verbesserung der Progredienz experimenteller Glomerulonephritis. Lan et al. konnten hier zeigen, dass durch Einsatz von IL1-Rezeptor Antagonisten ein signifikant geringerer Grad an Proteinurie und eine insgesamt besser erhaltene Nierenfunktion erreicht werden konnten (Lan, Nikolic-Paterson, Zarama, Vannice, & Atkins, 1993). In chronisch geschädigten Nieren lassen sich histologisch vermehrt Makrophagen nachweisen, als Ausdruck einer chronischen Inflammationsreaktion (Y. Wang et al., 2007). Es liegen also eine eine Aktivierung des inflammatorischen Systems mit Zunahme der extrazellulären Matrix mit vermehrter Fibrosereaktion und nachfolgendem Funktionsverlust vor.

1.3 Purinerge Rezeptoren

Die Bedeutung der Signaltransduktion durch purinerge Nukleoside wie Adonesin und purinerge Nukleotide wie ATP wurde erstmals 1929 in der Literatur beschrieben (Drury & Szent-Gyorgyi, 1929). Eine erste kriterienorientierte Einteilung gelang Burnstock in 1970er Jahren. Er entwickelte ein Modell in dem er die relative Potenz der Nukleoside und Nukleotide, die selektive Möglichkeit zur Antagonisierung, die Modulation der Adenylat-cyclase und die daraus resultierenden Veränderungen und schließlich die Unterschiede in der Induktion der Synthese von Prostaglandinen am jeweiligen Rezeptortyp im Modell der Zellkultur zur Einteilung nutzte (Burnstock, 1978). In der Folge führte diese Forschung zu einer international anerkannten Klassifikation der purinergen Rezeptoren, die anhand ihrer Transmitter in P1-Adenosin-Rezeptoren mit den Subklassifikationen A1, A2, etc. und P2-ATP-Rezeptoren mit den Hauptrezeptorfamilien P2X und P2Y eingeteilt werden. Die Differenzierung erfolgt hier unter Berücksichtung des Transduktionsmechanismus. Die Hauptfamilie der P2X-Rezeptoren besteht aus liganden-gesteuerten Kationkanälen; die der P2Y-Rezeptoren aus G-Protein-gekoppelten Rezeptoren (Abbracchio MP, 1993). Die Signaltransduktion von ATP kann intra- oder extrazellulär erfolgen und sie kommt nahezu ubigitär in fast allen Zellen des Organismus vor. Die intrazelluläre Signaltransduktion erfolgt beispielsweise als Co-Substrat von ATP-abhängigen Kinasen. Die extrazelluläre Signaltransduktion

bespielsweise als Agonismus an purinergen Rezeptoren (Oberhauser, Vonend, & Rump, 1999; Ralevic & Burnstock, 2003; Vonend et al., 2002). In Abhängigkeit des Rezeptortyps kommt es bei Aktivierung beispielsweise zu Zellprofliferation und migration, zu erhöhter Plättchenaggregation oder Mediation bei epithelialen Transportvorgängen. Nach heutigem Stand sind sieben P2X- (P2X1-7) und acht P2Y-Rezeptoren (P2Y1,2,4,6,11-14) bekannt (Burnstock, 2012). P2-Rezeptoren werden in fast allen Organsystem exprimiert, so zeigt auch die Niere ein heterogenes Verteilungsmuster (Burnstock & Knight, 2004; Turner, Vonend, Chan, Burnstock, & Unwin, 2003). P2X-Rezeptor Untereinheiten bestehen in der Regel aus unterschiedlich langen Aminosäuresequenzen mit je zwei hydrophoben Regionen innerhalb der Plasmamembran und der extrazellulär gelegenen ATP-Bindungsstelle. Die N- und C-Termini liegen auf cytoplasmatischer Seite. Je drei Rezeptoruntereinheiten sind in der Lage eine gemeinsame Pore zu bilden, die selektiv die Kanalfunktion erfüllt. Eine Heterotrimerisierung aus verschiedenen Rezeptrountereinheiten ebenfalls auftreten. Die P2X-Rezeptoren kann unterscheiden sich untereinander zusätzlich in Aktivierungsund Deaktivierungsverhalten in Abhängigkeit von der Konzentration an ATP und der Dauer der Exposition am Rezeptor, und zeigen Unterschiede in der Desensibilisierung hinsichtlich der Öffnungsdauer des Kanals (North, 2002; Ralevic & Burnstock, 1998).

Der P2X7-Rezeptor zeigt sowohl eine vermehrte Expression auf Zellen des Immunsystems wie Lymphozyten und Makrophagen, als auch auf Epithelien und Zellen der hämatopoetischen Zelllinie (Di Virgilio et al., 1998; Ferrari et al., 2006). Er kann keine Heteromere mit anderen Rezeptoren der P2X-Gruppe bilden und kommt daher nur als Homomer vor. Im Vergleich zu anderen P2X-Rezeptoren benötigt der P2X7-Rezeptor höhere Konzentration an ATP zur Aktivierung. Der Rezeptor desensitisiert nicht, d.h. seine Öffnungsdauer entspricht der Bindungszeit des ATP. Durch Aktivierung kann daher ein größerer Kationeninflux an Natrium und Calcium-Ionen generiert werden (Anderson & Nedergaard, 2006; Ferrari et al., 2006; Surprenant, Rassendren, Kawashima, North, & Buell, 1996). Die Haupteffekte der rezeptorvermittelten Signalkaskaden des P2X7-Rezeptors auf humanen Makrophagen sind die Ausschüttungen von Interleukin 1 β (IL1 β) und Interleukin 18, die Induktion von Makrophagenfusion, Lymphozytenproliferation und Apoptose bzw. Nekrose (Di Virgilio et al., 1998; Ferrari et al., 1997; Ferrari et al., 2006). Durch die vermehrte Sekretion von IL1 β werden weitere pro-inflammtorische Zytokine wie Interleukin 6 oder TNF α sekretiert, die zu einer weiteren Rekrutierung inflammatorischer Zellen wie Makrophagen führen und so eine lokale Entzündungsreaktion unterhalten (Chessell et al., 2005; Lammas et al., 1997). Bei medikamentös induziertem Diabetes mellitus und transgen induzierter arterieller Hypertonie konnte im Tierversuch eine vermehrte Expression des Rezeptors vor allem an den Podozyten, aber auch im Bereich des Endothels und den Mesangiumzellen detektiert werden. Diese vermehrte Expression ging einher mit einer Expansion der mesangiozellulären Matrix und einem gesteigerten Grad an interstitieller Fibrose (Solini et al., 2005; Vonend et al., 2004).

1.4 Rolle der P2X7 Rezeptoren bei der chronischen Niereninsuffizienz

Bei der chronischen Niereninsuffizienz kommt es zu einem Verlust des funktionsfähigen Nierengewebes und damit zu einer Einschränkung der Nierenfunktion. Bei Aktivierung des P2X7-Rezeptors auf murinen Makrophagen und auf Isolaten vaskulärer Zellen muriner Aorta kommt es zu vermehrter Sekretion von IL1ß und daraus resultierend zu einer Inflammationsreaktion sowie zu ATPabhängiger Apoptose bzw. Nekrose (Chiao, Tostes, & Webb, 2008; Pelegrin, Barroso-Gutierrez, & Surprenant, 2008). Vonend et al. haben gezeigt, dass es in Modellen chronischer Nierenschädigung wie dem Streptozotozin-induziertem Diabetes mellitus oder eines transgen induziertem Hypertonus eine Veränderung im Verteilungsmuster des Rezeptors gibt. Es konnte gezeigt werden, dass unter physiologischen Bedingungen im Rattenmodel eine geringfügige Anzahl an Rezeptoren in den Golmeruli zu finden sind. Unter den induzierten pathologischen Bedingungen hingegen zeigte sich eine starke Hochregulation des Rezeptors im Bereich der Podozyten, des Endothels und der Mesangiumzellen (Vonend et al., 2004). Für das Modell der subtotalen Nephrektomie wurde ein ähnliches Verteilungsmuster angenommen (Hillman, Burnstock, & Unwin, 2005). Goncalves et al. haben in einem Modell der unilateralen Ureterobstruktion (UUO) mit P2X7-Rezeptor-defizienten Mäusen gezeigt, dass es zu einem geringeren Grad an inflammationsassoziierter Fibrose in den defizienten Mäusen gekommen ist (Goncalves et al., 2006). Die Autoren beobachteten in der Gruppe der defizienten Mäuse geringeren Makrophageninfiltration, einen Grad an geringe

Myofibroblastenanzahl, einen geminderten Collagenfaseranteil sowie geringere Expression von TGF β im Interstitium. Daher wurde ein positiver Zusammenhang zwischen P2X7-Aktivierung und der Stimulation von Fibroblasten vermutet. Ein möglicher Erklärungsansatz könnte sein, dass IL1 β die Fibroblastenproliferation und die Produktion von extrazellulärem Collagen in Makrophagen und epithelialen Zellen fördert. In einem in vitro Experiment haben Karmakar et. al den Einfluss von Lipopolysacchariden (LPS) als ein Induktor von Inflammation und ATP auf P2X7-defizienten neutrophilen Granulozyten untersucht. Hohe ATP-Konzentrationen führen zu einer Aktivierung des Rezeptors. Dies hat einen Kationeninflux in Form von Ca2+ zur Folge. Es konnte gezeigt werden, dass gleichzeitige hohe LPS- und ATP-Stimulation eine hohe zytosolische Kalziumkonzentration zur Folge hatten, die eine Exozytose von Vesikeln, in diesem Falle, mit IL1 β bewirkte. In den Rezeptordefizienten neutrophilen Granulozyten kam es zu einer signifikant geringeren Ausschüttung von IL1 β und daher zu einer verminderten Inflammationsreaktion (Karmakar, Katsnelson, Dubyak, & Pearlman, 2016).

1.5 Ziel dieser Arbeit

Ziel dieser Arbeit war es, die Rolle des P2X7-Rezeptors im Rahmen der chronischen Niereninsuffizienz zu untersuchen. Am Knockout-Mausmodell wurde nach subtotaler Nephrektomie der Einfluss des purinergen P2X7-Rezeptors auf die Progredienz der Erkrankung untersucht, sowie die daran beteiligten inflammatorischen Mediatoren und die renale Organfibrose analysiert.

2 Methoden

2.1 Versuchstiere und Versuchstierhaltung

Als Versuchstiere wurden ausschließlich 6-8 Wochen alte männliche P2X7-Rezeptor-Knockout Mäuse (Solle et al., 2001) verwendet. Als Vergleichsgruppe dienten entsprechende Tiere des Wildtyps. Es handelte sich um Tiere des FVB-Maus-Hintergrundes. Untergebracht waren die Tiere in der zentralen Tierversuchsanstalt der Heinrich-Heine-Universität Düsseldorf. Sie wurden in Typ III-Polycarbonat-Käfigen bei 45 % Luftfeuchtigkeit, 20 – 22° Celsius Raumtemperatur und einem 12-stündigen Tag-Nacht-Zyklus gehalten und hatten jederzeit freien Zugang zu Wasser und Futter. Das Aktenzeichen des Tierversuches lautete 84-02.04.2011.A268 mit der lokalen Nummer G268 11.

2.2 Subtotale Nephrektomie

Das Operationsgebiet wurde steril abgedeckt. Die Operation erfolgte unter sterilen Bedingungen in der Tierversuchsanstalt des Universitätsklinikums Düsseldorf. Das Operationsbesteck stand vor den Operationen autoklaviert zur Verfügung. Vor dem Eingriff wurde der Bereich um die geplante Inzisionstelle am Versuchstier großzügig rasiert (Andis, Sturtevant, USA) und das Tier wurde gewogen. Die intraperitoneal injizierte Narkose der Tiere erfolgte mittels einer Mischung aus 0.168 mg/gKG Ketamin (10 mg/ml; Pfizer GmbH, Berlin, Deutschland) und 8 µg/gKG Xylazinhydrochlorid (2 mg/ml; AniMedica GmbH, Senden-Bösensell, Deutschland) in isotoner Kochsalzlösung (NaCl 0.9%) im Verhältnis 1:1:8. Zur Bestimmung einer ausreichenden Narkosetiefe wurde ein interdigitaler Schmerzreiz an den Hinterläufen der Tiere gesetzt und adäquat beurteilt. Prä-, peri- und postoperativ wurden die Tiere prophylaktisch mit einer Augensalbe behandelt (Polyspectran HC, Alcon). Die technische Ausführung der subtotalen (5/6) Nephrektomie wird im Folgenden beschrieben:

Nach atraumatischer Fixierung des Tieres erfolgte die Hautdesinfektion mit steriler Abdeckung des Operationsgebietes. Anschließend wurde eine dorsale, longitudinale, median-subcostale Hautinzision mittels chirurgischer Schere durchgeführt (feine Schere, gerade, 11.5 cm, Martin). Nach Mobilisierung der Haut und der darunter liegenden Faszie erfolgte die scharfe Durchtrennung der rechtsseitigen Bauchmuskulatur, um das Nierenlager frei zu legen. Nach vorsichtiger Luxation der rechten Niere nach außen wurde die Nierenkapsel abpräpariert. Mittels eines sterilen Seidenfadens (PH-Seide 4-0) wurde der Nierenhilus ligiert, das Organ in toto reseziert und der Gefäßstumpf repositioniert. Das Gewicht des Organs wurde ermittelt. Nach Verschluss der Bauchmuskulatur mittels Einzelknopfnähten (Vicryl 3-0) erfolgte die subtotale Nephrektomie der linken Niere. Diese entsprach bis auf folgende Unterschiede der rechtsseitigen: Nach erfolgreicher Präparation der Nierenkapsel wurden mittels zweier steriler Seidenfäden der obere und untere Pol der linken Niere ligiert und reseziert, so dass circa 60 % des Nierengewebes entfernt wurden, was ca. 5/6 des totalen funktionellen Nierengewebes entspricht. Die Hautinzision wurde durch eine fortlaufende Naht (Prolene 3-0) verschlossen. Im Mittel betrug die Operationszeit 25 – 30 Minuten pro Tier.

Postoperativ erfolgte eine subkutane Flüssigkeitssubstitution mit 0.5 ml physiologischer Kochsalzlösung. Weiterhin wurden die Tiere analgetisch mit 0.05 – 0.1 mg/kgKG Buprenorphin behandelt und zwecks geeigneten Wärmemanagements bis zum Erwachen mit einer Infrarotlampe bestrahlt. In frischen Käfigen wurden die Tiere unter Versuchsbedingungen weiter versorgt. Das Nahtmaterial wurde in der Regel durch die Versuchstiere frühzeitig selbst entfernt. Verbliebenes Nahtmaterial wurde bei areaktiven Wundverhältnissen am 7. postoperativen Tag entfernt.

2.3 Stoffwechselkäfige und Sammelurin

Der geplante Versuchszeitraum betrug 35 ± 2 Tage. Versuchstag 1 entspricht hierbei dem ersten postoperativen Tag. An den Tagen 5, 10, 20 und 35 wurde jeweils über Nacht ein Sammelurin angefertigt. Die mittlere Sammelzeit betrug in etwa 18 Stunden. Die Tiere wurden hierfür in Stoffwechselkäfigen (Techniplast GmbH, Hohenpreißenberg) gehalten und hatten freien Zugang zu Wasser und pelletierter Tiernahrung. Die Urinmenge wurde dokumentiert und in ein 2 ml Eppendorfgefäß überführt. Anschließend wurde der Urin bei 4° C und 3800 Umdrehungen/min zentrifugiert (Centrifuge 5417R, Eppendorf), ein Überstand aliquotiert und weiteren Analysen zugeführt.

2.4 Blutentnahme

An den Versuchstagen 20 und 35 wurde von den Versuchstieren nach vorangegangener Narkose (wie oben beschrieben) mittels retroorbitaler Punktion

des Venenplexus Blut gewonnen. Das Versuchstier wurde nach erfolgter Anästhesie zwischen Daumen und Zeigefinger fixiert. Durch Druck auf den kontralateralen wurde der ipsilaterale Bulbus leicht aus der Orbita luxiert, so dass über den medialen Augenwinkel mit Hilfe einer Pasteurpipette (230 mm lang, Assistent) der retroorbitale Venenplexus punktiert werden konnte. Pro Tier wurden maximal 500 µl Blut entnommen. Das Blut wurde in ein 1.5 ml Eppendorfgefäß überführt, welches zuvor mit 5 µl Heparin (10.000 I.E./ml, Firma Braun, Deutschland) versetzt wurde. Nach Zentfrifugierung (Centrifuge 5417R, Eppendorf) bei 4° C und 3000 Umdrehungen/min wurde das Plasma abpipettiert, aliquotiert und weiteren Analysen zugeführt.

2.5 Blutdruckmessung

Die nicht-invasive systolische Blutdruckmessung erfolgte mittels einer Schwanzmanschetten-Plethysmografie unter Verwendung **BP-98A** eines Messgerätes (Softron, Japan) und wurde an Tag 32 ± 2 Tage durchgeführt. Den Messungen vorangestellt war eine Trainingsphase. Messungen fanden stets zur gleichen Tageszeit und unter gleichen Versuchsbedingungen statt. Dabei wurden die Tiere in einer Leinenmanschette fixiert und in einem beheizbaren Thermorohr gelagert (bei konstanten 37°C), der Schwanz wurde in der Druckmanschette positioniert. Es erfolgten konsekutiv 10 Einzelmessungen unter Berücksichtigung der Herzfrequenz.

2.6 Quantitative Messung einzelner Parameter im Urin

Aus den asservierten Urinproben wurden quantitativ die Harnstoff- und Kreatininkonzentrationen bestimmt. Die Analysen der Proben erfolgten im Zentrallabor des Universitätsklinikums Düsseldorf mittels Roche/Hitachi cobas c Analyzer in-vitro Testsystems (Roche Pharma AG, Basel, Schweiz) unter Nutzung eines UREAL-cobas in vitro Testkits (Bestellnr. 0105171873190c701V8.0, Roche Pharma AG, Basel, Schweiz) für die Harnstoffbestimmung als kinetischer Test mittels Urease und Glutamatdehydrogenase und eines CREP2-cobas in vitro Testkits (Bestellnr. 0005168589190c701V6.0, Roche Pharma AG, Basel, Schweiz) für die Kreatininbestimmung als enzymatische Methode über Umwandlung des Kreatinins mittels Kreatininase, Kreatinase und Sarcosinoxidase zu Glycin, Formaldehyd und Wasserstoffperoxid.

2.7 Quantitative Albuminbestimmung im Urin

Die quantitative Albuminbestimmung aus den asservierten Urinproben erfolgte in den Laboren der Firma CellTrend GmbH (Luckenwalde) durch einen ELISA unter Nutzung des CellTrend Albumin(Maus)-ELISA (Bestellnr. 50200, CellTrend GmbH, Luckenwalde).

2.8 Quantitative Cystatin C-Bestimmung im Serum

Die quantitative Cystatin C-Bestimmung aus den asservierten Serumproben erfolgte durch einen ELISA unter Nutzung eines Mouse/Rat Cystatin C Quantikine ELISA-Kit (R&D Systems, Minneapolis, MN, USA) entsprechend der Herstellervorgaben.

2.9 Organentnahme

Unter adäguater Anästhesie erfolgte über einen ventrale Medianlaparotomie, unter expliziter Schonung von Magen, Darm, Leber und Milz die Freilegung des Retroperitoneums. Zunächst wurde die Aorta abdominalis mit einer Ligatur kurz unterhalb des Zwerchfells angeschlungen, jedoch noch nicht ligiert. Anschließend wurde die Aorta abdominalis an der Bifurkation der Iliakalarterien ligiert und kurz unterhalb des Abgangs der linken Nierenarterie mit einer Strabismus-Federschere (gebogen, 11.5 cm, Martin) inzidiert. Durch die Inzision wurde von distal in proximale ein Polyethylenschlauch (Aussendurchmesser 0.61 Richtung mm, Innendurchmesser 0.28 mm, neoLab, Heidelberg) eingeführt und vorgeschoben. Nach Ligatur der subphrenischen Aorta wurde die Niere über einen Perfusor (Harvard Pump 11 Plus Dual Syringe, Harvard Apparatus, MA, USA) mit einer Laufrate von 2 ml/min mit PBS perfundiert, bis sich die Nieren vollständigt entfärbten (Blutleere). Zur Sicherstellung des Blutabflusses aus der perfundierten Restniere wurde die Nierenvene ebenfalls mit der Federschere inzidiert. An dieser Stelle erfolgte die Euthanasie mittels Dekapitation. Sodann wurde die linke Restniere der nephrektomierten Tiere entnommen und in eine Petrischale auf Eis überführt. Die narbigen Anteile der teil-nephrektomierten Niere wurden im Bereich des Ober- und Unterpols mit einem Skalpell entfernt. Von der entnommenen Niere wurde Teile für Protein- und Genexpressionsanalysen in gewebeschützenden Lösungsmitteln (100 µl Allprotect Tissue bzw. 100 µl RNAlater, Qiagen) in 0,5 ml Eppendorfgefäßen asserviert und für eine Nacht bei -20° C und danach bei -80° C konserviert. Das restliche Gewebe wurde für histologische Untersuchungen zur Herstellung von Parraffinblöcken verwendet, in toto in eine Histo-Kassette gelegt und für eine Nacht in 10%-igem Formalin aufbewahrt (siehe Abschnitt Herstellung Paraffinblöcke- und Schnitte).

2.10 Quantitative Real-time-PCR (qPCR)

Das asservierte Nierengewebe aus dem P2X7-KO-Tieren und den Wildtyptieren wurde mit dem Tissue Ruptor (Qiagen) gemäß Herstellervorgaben zerkleinert. Anschließend wurde die RNA mittels RNAeasy Plus Mini Kit (Qiagen) nach Herstellerprotokoll isoliert und mit dem QuantiTect Reverse Transcription Kit (Qiagen) in cDNA umgeschrieben. Die eigentliche Real-time-PCR wurde mit Hilfe eines 7300 Real-Time PCR Systems (Applied Biosystems, Foster City, USA) unter Nutzung eines TaqMan Gene Expression Assays (Applied Biosystems) sowie 96-Well Platten (semi skirted, StarLab, Hamburg, Deutschland) mit dem entsprechenden vorgegebenen Assay-Protokoll durchgeführt. Das Ergebnis wird am Ende als mittlerer Zyklusschwellenwert angegeben (CT-Wert). Zur mRNA Quantifizierung wurde die relative Quantifizierung verwendet, bei der die Expression der zu untersuchenden Gene mit der eines "housekeeping genes" normalisiert wird. Dabei werden nicht die absoluten Startkopienzahlen oder Startkonzentrationen bestimmt, sondern die Expression des untersuchten Gens wird auf ein konstitutiv exprimiertes Gen bezogen. Im Folgenden wurde dafür das housekeeping gene Glycerinaldehyd-3-phosphat-Dehydrogenase (GAPDH) als Referenzpunkt verwendet. Die Berechnung des Expressionsunterschiedes erfolgte über die delta CT-Methode und wird im Folgenden als Mittelwert ± Standardfehler angegeben. Für die graphische Darstellung des gPCR Ergebnisses wurde sowohl von den ΔCT Behandlungsproben als auch von den ΔCT Kontrollproben der ΔCT Kontrollgruppenmittelwert subtrahiert und aus den entstandenen Werten jeweils ein Mittelwert für die Knock-Out und die Kontrollgruppe generiert. Aus der Formel 2^-Mittelwert ergab sich dann für die Kontrollgruppe der Referenzwert 1 und für die Knock-Out-Gruppe die relativ vermehrte oder verminderte Expression der jeweiligen gemessenen mRNA.

TaqMan Primer:

- Col1a1 Mm00801666_g1
- TGFβ Mm01178820_m1

- PAI-1 Mm00435860_m1
- II-1β Mm00434228_m1
- MCP-1Mm0041242_m1
- RANTES Mm01302427_m1
- NFκB Mm01297400_m1

2.11 Proteinanalyse

2.11.1 Proteinisolierung

Das asservierte Nierengewebe wurde aus dem gewebeschützenden Lösungsmittel entnommen in 500 µl kaltes (zuvor auf Eis gelagertes) PBS in einem Eppendorfgefäß überführt. Anschließend wurden die Proben aus dem PBS entnommen und, nach Abtupfen der PBS-Reste am Gewebe, in ein mit ca. 150 -500 µl Lysispuffer gefülltes Homogenisierungsröhrchen (FACS-Röhrchen) in einem Eiswasserbad überführt. Der (Triton-)Lysispuffer bestand aus folgenden Komponenten:

- 50 mM TrisHCL, pH 7.4
- 150 mM NaCl
- 1 mM EDTA
- 2% SDS
- 1% Triton
- cOmplete Mini, 1 Tablette pro 10 ml (Protease Inhibitor Cocktail Tablette, Roche Diagnostics, Rotkreuz, Schweiz)

Die Homogenisierung des Gewebes erfolgte unter Verwendung des Tissue Ruptors (Qiagen) im Eiswasserbad. Es folgte eine 30-minütige Inkubationsphase des Homogenisats auf Eis. Danach wurden die Lysate in 1.5 ml Eppendorfgefäße überführt und 15 Minuten bei maximaler Rotationsgeschwindigkeit und 4° C zentrifugiert. Vom so entstandenen Überstand wurden 100 μ l in ein 1.5 ml Eppendorfgefäß abpipettiert, mit 100 μ l 2-fach Laemmli versetzt, 5 Minuten bei 95° C erhitzt und letztlich bei -80° C eingefroren. Weiterhin wurden 5 μ l für die Proteinbestimmung entnommen, in ein 1.5 ml Eppendorfgefäß überführt und mit 30 μ l destilliertem Wasser versetzt. Der Restüberstand wurde zusätzlich bei -80° C asserviert.

2.11.2 Proteinbestimmung

Die Proteinbestimmung wurde mit Hilfe eines Pierce BCA Protein Assay Kit (Thermo Fisher Scientific, Waltham, MA, USA) nach Herstellervorgaben durchgeführt.

2.11.3 Herstellung der Trenn- und Sammelgele

Für die Elektrophorese wurden Polyacrylamid-Gele aus folgenden Komponenten mit Hilfe des Mini-PROTEAN Tetra Handcast Systems (Bio-Rad Laboratories, Hercules, CA, USA) hergestellt:

- Trenngel
 - 360 mM TrisHCl
 - 1.14 M Tris Base
 - 0.4% SDS
 - Rotiphorese Gel 30 (Verhältnis 37.5:1, Roth)
 - Wasser
 - 10% APS
 - TEMED (#2367, Roth)
- Sammelgel
 - 484 mM TrisHCl
 - 16 mM Tris Base
 - 0.4% SDS
 - Rotiphorese Gel 30 (Verhältnis 37.5:1, Roth)
 - Wasser
 - 10% APS
 - TEMED (#2367, Roth)

2.11.4 Elektrophorese und Western Blot

Für die Gelelektrophorese wurden 7%-ige Polyacrylamid-Gele verwendet. Jede Tasche wurde mit 30 µg Protein geladen. Für das Trenngel wurde eine Stromstärke von 15 mA für 1.5 Stunden fest- und für das Sammelgel eine Spannung von 70 V für 30 Minuten angelegt. Der Western Blot wurde in einer Mini-PROTEAN Tetra Vertical Eletrophoresis Cell (Bio-Rad Laboratories, Hercules, CA, USA) bei 200 mA und 2.75 Stunden Laufzeit durchgeführt.

Für die Färbung wurde die geblottete Membran über Nacht in einer 5%-igen Magermilchpulver-Waschpuffer-Lösung geblockt. Am Folgetag wurde die Membran zusammen mit dem ersten Antikörper anti-Collagen-1 (Collagen Type 1 *Antibody, anti mouse*, Catalog No. 203002, mdbioproducts) in einer Konzentration von 1:15000 und einer 1%-igen Magermilchpulver-Waschpuffer-Lösung über Nacht bei 4° C inkubiert. Anschließend wurde die Membran drei Mal je 5 Minuten mit Proteinwaschpuffer gewaschen und mit dem zweiten Antikörper anti-Kaninchen in einer Konzentration von 1:10000 eine Stunde bei Raumtemperatur inkubiert. Auch hiernach wurde drei Mal je 5 Minuten mit Proteinwaschpuffer gewaschen und mit Proteinwaschpuffer gewaschen. Letztlich wurde die Membran unter Zugabe von superECL (Promega, Fitchburg, WI, USA) entwickelt und mittels Imager Fotos nach 1, 2 und 5 Minuten angefertigt. Im gleichen Zug wurde auch ein Auflichtbild für ein späteres Overlay aufgenommen.

Die Nachfärbung für eine Referenz erfolgte mit β-Actin. Hierfür wurde die Membran mit einem anti-β-Actin Antikörper (Sigma-Aldrich) in einer Konzentration von 1:7500 30 Minuten bei Raumtemperatur inkubiert und anschließend drei Mal je 5 Minuten mit Proteinwaschpuffer gewaschen. Als zweiter Antikörper diente anti-Maus in einer Konzentration von 1:10000, hier wurde für eine Stunde bei Raumtemperatur inkubiert. Nach dem wie oben erläuterten Waschprozess mit Proteinwaschpuffer erfolgten auch hier die Bildentwicklung und Aufnahmen nach 30 Sekunden und 1 Minute. Die Bestimmung der Proteinkonzentration erfolgte kolorimetrisch nach der Bradford-Methode. Anschließend erfolgte die Berechnung eines Mittelwertes des einzelnen Versuchstieres. In einem letzten Schritt wurde aus diesen Mittelwerten jeweils ein weiterer Mittelwert zum Vergleich der beiden Versuchsgruppen errechnet.

2.12 Herstellung der Parraffinblöcke und -schnitte

Das entnommen Nierengewebe wurde über Nacht in 10% Formalinlösung fixiert. Entwässert wurde das Gewebe nach folgendem Protokoll:

- 1. 70% Ethanol, 1 Stunde
- 2. 80% Ethanol, 1 Stunde
- 3. 96% Ethanol, 1 Stunde
- 4. 100% Ethanol, über Nacht
- 5. Xylol, 2x je 1 Stunde

6. Paraffin, 2x je 1 Stunde

Anschließend wurde das Gewebe auf einer mit 65° C vorgeheizten Einbettungsform positioniert und diese mit flüssigem Paraffin aufgefüllt. Zur Aushärtung wurde der Paraffinblock auf eine 4° C kalte Platte gelegt und letztlich bei Raumtemperatur lichtgeschützt gelagert. Die Herstellung der Schnitte erfolgte mit Hilfe eines Mikrotoms (Jung Histoslide 2000, Leica). Hierbei betrug die Schnittdicke 1 µm. Die Schnitte wurden auf Objektträgern (Thermo Scientific) aufgenommen und über Nacht bei 37°C getrocknet und fixiert.

Zur Vorbereitung der histologischen Färbungen wurden die Schnitte in nachfolgender Weise entparaffiniert und in absteigender Alkoholreihe rehydratisiert:

- Xylol, 2x je 5 Minuten
- 100% Ethanol, 2x je 3 Minuten
- 96% Ethanol, 3 Minuten
- 80% Ethanol, 3 Minuten
- 70% Ethanol, 3 Minuten
- 50% Ethanol, 3 Minuten

2.13 PAS-Färbung

Die Periodic-Acid-Schiff-Färbung wurde nach untenstehendem Protokoll unter Verwendung eines PAS Staining Kit (Merck Millipore, Darmstadt, Deutschland) durchgeführt.

Die PAS-Reaktion färbt Aldehyde und Mykosubstanzen an und diente in diesem Fall als Übersichtsfärbung zur Beurteilung des Grades an Glomerulosklerose in den untersuchten Gruppen. Die angegebenen Werte geben die Anzahl der sklerosierten Glomeruli bezogen auf die Gesamtzahl der Glomeruli pro Schnitt für die einzelnen Experimente wieder (Glomerulosklerose Index).

Zunächst wurden die vorbereiteten Schnitte mit destilliertem Wasser gespült und in eine Perjodsäure-Lösung überführt, in der sie 5 Minuten inkubierten. Nach 3minütigem Spülen unter fließendem Leitungswasser und Spülung mit destilliertem Wasser wurden die Schnitte in eine Lösung mit Schiff-Reagenz überführt und inkubierten 15 Minuten. Auch hieran schlossen sich eine 3-minütige Spülung unter fließendem Leitungswasser und Spülung mit destilliertem Wasser an. Nun wurden die Schnitte eine Hämatoxylin Lösung (modifiziert nach Gill III) überführt, inkubierten 2 Minuten und wurden letztlich unter fließendem Leitungswasser erneut gespült. Im letzten Schritt durchliefen die gefärbten Schnitte folgende aufsteigende Alkoholreihe:

- 70% Ethanol, 2x je 1 Minute
- 96% Ethanol, 2x je 1 Minute
- 100% Ethanol, 2x je 1 Minute

Nach Lufttrocknung bei Raumtemperatur wurden die Präparate mit einem geeigneten permanenten Eindeckmedium (Roti-Mount #HP68.1, Carl Roth GmbH, Karlsruhe, Deutschland) eingedeckt und so der Mikroskopie zugänglich gemacht. Die Mikroskopie der Schnitte erfolgte in Kooperation mit Herrn Dr. med. Clemens Brockmeyer (Nephropathologie, Universitätsklinikum Erlangen). Pro Schnitt wurden 10 High-Power-Fields (400-fache Vergößerung) ausgewertet und dort jeweils die Zahl der sklerosierten Glomeruli bezogen auf die Gesamtzahl der Glomeruli angegeben. Anschließend erfolgte die Berechnung eines Mittelwertes pro Schnittserie des einzelnen Versuchstieres. In einem letzten Schritt wurde aus diesen Mittelwerten jeweils ein weiterer Mittelwert zum Vergleich der beiden Versuchsgruppen errechnet.

2.14 Masson-Trichrome-Färbung

Die Masson-Trichrome-Färbung wurde nach untenstehendem Protokoll unter Verwendung eines Trichrome Stain (Masson) Kits (Sigma HT-15, Sigma-Aldrich Chemie GmbH, München, Deutschland), einer Hämatoxylin Lösung (Sigma HT10-79, Sigma-Aldrich Chemie GmbH, München, Deutschland) und einer Bouins-Lösung (Sigma HT-1-32, Sigma-Aldrich Chemie GmbH, München, Deutschland) durchgeführt.

Die Masson-Trichrome-Färbung wurde durchgeführt, um eine Quantifizierung des angefärbten Collagens in den Präparaten beider Gruppen vornehmen zu können. Pro Schnitt wurden 10 High-Power-Fields (400-fache Vergrößerung) ausgewertet und dort jeweils der sichtbar angefärbte prozentuale Anteil an Collagen bestimmt. Die Bestimmung erfolgte mittels dem Computerprogramm ImageJ (Wayne Rasband, National Institutes of Health, Besthesda, MD, USA). Anschließend erfolgte die Berechnung eines Mittelwertes pro Schnittserie des einzelnen Versuchstieres. In einem letzten Schritt wurde aus diesen Mittelwerten jeweils ein weiterer Mittelwert zum Vergleich der beiden Versuchsgruppen errechnet.

Zu Beginn wurden die vorbereiteten Schnitte 15 Minuten lang in der auf 56° C erwärmten Bouins-Lösung inkubiert, dann unter fließendem Leitungswasser bis zum Entfärben der Spülflüssigkeit gespült und schließlich noch einmal mit destilliertem Wasser nachgespült. Darauf folgten eine 5-minütige Inkubation in einer Weigerts-Eisen-Lösung und eine erneute Spülung unter fließendem Leitungswasser und mit destilliertem Wasser. Im nächsten Schritt wurden die Schnitte 5 Minuten in einer Bierberich-Scharlachrot-Säurefuchsin-Lösung inkubiert und danach mit destilliertem Wasser gespült. Anschließend erfolgten eine 5minütige Inkubation in einer Phosphomolypdänsäure-Phosphowolframsäure- und eine 5-minütige Inkubation in einer Anilinblau-Lösung. Letztlich inkubierten die Schnitte noch in einer 1%-igen Essigsäure und wurden mit destilliertem Wasser gespült.

Nach Lufttrocknung bei Raumtemperatur wurden die Präparate mit einem geeigneten permanenten Eindeckmedium (Roti-Mount #HP68.1, Carl Roth GmbH, Karlsruhe, Deutschland) eingedeckt und so der Mikroskopie zugänglich gemacht. Die fertigen Präparate wurden digitalisiert und wie oben beschrieben ausgewertet.

2.15 Statistik

Die Anzahl der Experimente pro Gruppe ist stets mit n angegeben. Zur statistischen Auswertung wurde das Computerprogramm GraphPad Prism 6.0 (GraphPad Software Inc., CA, USA) genutzt. Für jede Gruppe wurde ein arithmetischer Mittelwert mit Standardfehler berechnet. Dargestellt sind die Ergebnisse als Mittelwert (MW) mit dem jeweiligen Standardfehler (± Standard Error of Mean; SEM). Für die Berechnung der statistischen Signifikanz wurde der Student's t-Test verwendet. Differenzen mit einer Irrtumswahrscheinlichkeit von p<0.05 werden als signifikant unterschiedlich angesehen.

3 Ergebnisse

Die Unterschiede im Bereich der angegebenen Versuchstierzahlen für die einzelnen nachfolgend dargestellten Ergebnisse erklärt sich dadurch, dass nicht für alle untersuchten Parameter die gleiche Anzahl an auswertbaren Ergebnissen bzw. Proben vorlagen.

3.1 Physiologische Daten

3.1.1 Körpergewicht

Präoperativ wurden die Versuchstiere gewogen, um das Körpergewicht zu ermitteln und Vergleichbarkeit sicher zu stellen. Die P2X7-KO-Tiere zeigten ein Gewicht von 28.0 \pm 0.4 g (n=18), die Wildtyptiere ein Gewicht von 27.6 \pm 0.5 g (n=23). Damit ergab sich kein signifikanter Unterschied im Körpergewicht beider Gruppen (p=NS) (Abb. 2).



Abb. 2: Körpergewicht beider Versuchstiergruppen unmittelbar vor der subtotalen Nephrektomie an Versuchstag 0

Zusätzlich wurde das Körpergewicht am Tag der Organentnahme erhoben. Für die P2X7-KO-Tiere ergab sich ein Körpergewicht von 28.6 \pm 0.3 g (n=23), für die Wildtyptiere ein Gewicht von 29.1 \pm 0.6 g (n=15), somit zeigte sich kein signifikanter Unterschied (p=NS) (Abb. 3).



Abb. 3: Körpergewicht beider Versuchstiergruppen unmittelbar vor der Organentnahme an Veruschstag 35

3.1.2 Nierengewicht zum Zeitpunkt der OP (Beginn Versuchszeitraum Tag 0)

Das Gewicht des entfernten Nierengewebes wurde intraoperativ erfasst. Hierbei betrug das Gewicht des totalen Nephrektomiepräparates der rechten Niere bei den P2X7-KO-Tieren 0.201 \pm 0.002 g (n=18), in der Gruppe der Wildtyptiere 0.202 \pm 0.004 g (n=23) (p=NS) (Abb. 4).





Das Gewicht des entfernten subtotalen Nephrektomiepräparates der linken Niere betrug für die P2X7-KO-Tiere 0.101 \pm 0.002 g (n=18), für die Wildtyptiere 0.095 \pm 0.003 g (n=23) (p=NS).

3.1.3 Nierengewicht zum Zeitpunkt der Organentnahme (Beginn Versuchszeitraum Tag 35)

Am Tag der Organentnahme (Tag 35) wurde das Gewicht des verbliebenen Nierengewebes der linken Niere ermittelt. Das Restnierengewicht am Entnahmetag (Tag 35) wurde gewogen. Es zeigte sich, dass das Nierengewicht für die P2X7-KO-Tiere mit 0.196 \pm 0.005 g (n=23) im Vergleich mit dem der Wildtyptiere mit 0.226 \pm 0.009 g (n=15) signifikant geringer war (p<0.01). An Tag 0 musste das Restnierengewicht geschätzt werden (Restniere links Tag 0 [g] = Entnommene Niere rechts – entnommenes Nierengewebe links [g]) (Abb. 5).





Abb. 5: Geschätztes Nierengewicht des subtotalen Nephrektomiepräparates linksseitig beider Versuchstiergruppen an Versuchstag 0 (T0) sowie des gewogenen residuellen Nierengewebes beider Versuchtiergruppen an Versuchstag 35 (T35)

3.1.4 Herzgewicht und Blutdruck

Am Tag der Organentnahme wurde zusätzlich das Herzgewicht bestimmt. Für die P2X7-KO-Tiere betrug das Herzgewicht 0.1338 \pm 0.0027 g (n=17), für die Wiltyptiere 0.1344 \pm 0.0020 g (n=15). Es bestand kein signifikanter Unterschied (p=NS).

An Tag 32 wurden Blutdruckmessungen in beiden Versuchtiergruppen durchgeführt. Für die P2X7-KO-Tiere ergab sich ein systolischer Blutdruck von 143.9 \pm 1.1 mmHg (n=24), für die Wildtyptiere von 149.6 \pm 2.3 mmHg (n=15). Es zeigten sich signifikant geringere Blutdruckwerte auf Seiten der P2X7-KO-Tiere (p<0.01) (Abb. 6).



Abb. 6: Systolischer Blutdruck beider Versuchstiergruppen an Versuchstag 32

3.2 Urinanalysen

3.2.1 Harnstoff-Messungen

Die Messungen der Harnstoffkonzentrationen im Urin zur Beurteilung der renalen Konzentrationsfähigkeit wurden an den Tagen 5, 10, 20 und 35 durchgeführt. An Tag 5 zeigte sich eine signifikant höhere Harnstoffkonzentration von 3209.0 ± 363.7 mg/dl (n=11) für die P2X7-KO-Tiere im Vergleich mit den Wildtyptieren von 1810.0 \pm 713.2 mg/dl (n=9) (p<0.05). Für die Tage 10 und 20 wurden für die P2X7-KO-

Tiere Konzentrationen von 3270.0 ± 463.4 (n=11) bzw. 3181 ± 420 mg/dl (n=11) und für die Wildtyptiere von 2637.0 ± 367.7 (n=9) bzw. 2235.0 ± 584.8 mg/dl (n=9) gemessen. Es ergaben sich keine signifikanten Unterschiede (p=NS). Die an Tag 35 gemessenen Konzentrationen zeigten signifikant höhere Werte für die P2X7-KO-Tiere von 4407.0 ± 352.7 mg/dl (n=23) verglichen mit 2502.0 ± 331.3 mg/dl (n=15) für die Wildtyptiere (p<0.001) (Abb. 7).



Abb. 7: Zusammenfassende Darstellung der Harnstoffkonzentrationen im Urin beider Versuchstiergruppen an den Versuchstagen 5, 10, 20 und 35

3.2.2 Kreatinin-Messungen

Kreatinin wurde ebenfalls zur Abschätzung der renalen Konzentrationsfähigkeit an den Tagen 5, 10, 20 und 35 im Urin gemessen. Über alle Messpunkte hinweg zeigten sich signifikant höhere Kreatinin-Konzentrationen auf Seiten der P2X7-KO-Tiere. Genauer betrachtet wurden an Tag 5 eine Konzentration von $15.7 \pm 1.8 \text{ mg/dl}$ (n=11) bei den P2X7-KO-Tieren gegenüber einer Konzentration von $8.3 \pm 3.6 \text{ mg/dl}$ (n=9) bei den Wildtyptieren (p<0.05), an Tag 10 von $16.4 \pm 2.6 \text{ mg/dl}$ (n=11) gegenüber 9.2 ± 1.5 mg/dl (n=9) (p<0.05), an Tag 20 von $15.3 \pm 2.1 \text{ mg/dl}$ (n=23) gegenüber $8.1 \pm 2.1 \text{ mg/dl}$ (n=15) (p<0.01) gemessen (Abb. 8).



Abb. 8: Zusammenfassende Darstellung der Kreatininkonzentrationen im Urin beider Versuchstiergruppen an den Versuchstagen 5, 10, 20 und 35

3.2.3 Albumin-Kreatinin-Ratio

Die Albumin-Kreatinin-Ratio dient laborchemisch der Quantifizierung der Proteinurie und wurde für die Messzeitpunkte Tag 5, 10, 20 und 35 bestimmt. Für Tag 5 ergab sich kein signifikanter Unterschied zwischen einem Wert von 4.3 ± 3.7 mg/g (n=11) für die P2X7-KO-Tiere und einem Wert von 3.9 ± 1.0 mg/g (n=9) für die Wildtyptiere (p=NS). Für die übrigen Messpunkte ergaben sich durchweg signifikant niedrigere Albumin-Kreatinin-Ratios für die P2X7-KO-Tiere. Im Detail wurden an Tag 10 Werte von 4.3 ± 2.8 mg/g (n=11) bei den P2X7-KO-Tieren gegenüber Werten von 76.3 ± 19.7 mg/g (n=9) bei den Wildtyptieren (p<0.001), an Tag 20 von 6.2 ± 4.5 mg/g (n=11) gegenüber 36.9 ± 10.3 mg/g (n=9) (p<0.01) und an Tag 35 von 4.9 ± 2.1 mg/g (n=23) gegenüber 18.8 ± 5.2 mg/g (n=15) (p<0.01) errechnet (Abb. 9).



Abb. 9: Zusammenfassende Darstellung der Albumin-Kreatinin-Ratio beider Versuchstiergruppen an den Versuchstagen 5, 10, 20 und 35

3.3 Serumanalysen

3.3.1 Cystatin C

Cystatin C als Marker der Nierenfunktion wurde an Tag 20 und 35 aus dem Serum bestimmt. Für Tag 20 zeigte sich eine signifikant höhere Konzentration für die P2X7-KO-Tiere von 1058.0 \pm 42.7 ng/ml (n=17) gegenüber einer Konzentration von 877.3 \pm 35.6 ng/ml (n=28) für die Wildtyptiere (p<0.01). Die Konzentrationsbestimmung für Tag 35 hingegen bot keinen signifikanten Unterschied mehr (p=NS), hier ergaben sich für die P2X7-KO-Tiere Konzentrationen in Höhe von 858.6 \pm 42.3 ng/ml (n=24), für die Wildtyptiere in Höhe von 787.6 \pm 49.3 ng/ml (n=23) (Abb. 10).



Abb. 10: Zusammenfassende Darstellung der Cystatin C Konzentrationen im Serum beider Versuchstiergruppen an den Versuchstagen 20 und 35

Zusätzlich zeigte sich innerhalb P2X7-KO-Tiere eine signifkante Reduktion der Cystatin C Konzentration (p<0.001) von Tag 20 (1058.0 \pm 42.7 ng/ml (n=17)) auf Tag 35 (858.6 \pm 42.3 ng/ml (n=24)), innerhalb der Wildtyptiere ergab sich kein signifikanter Unterschied (877.3 \pm 35.6 ng/ml (n=28) vs. 787.6 \pm 49.4 ng/ml (n=23), p=NS) (Abb. 11).



Abb. 11: Intergruppenunterschied der Cystatin C Konzentrationen im Serum beider Versuchstiergruppen im zeitlichen Verlauf von Versuchstag 20 auf 35

3.4 Genexpressionsanalyse

3.4.1 Real-time PCR

Mittels quantitativer Real-time PCR wurde die Expression bestimmter mRNA in dem aus der Organentnahme gewonnen Nierengeweben, sowohl der P2X7-KO-Tiere als auch der Wildtyptiere analysiert.

3.4.2 Fibrosemarker

Die Analyse der Fibrosemarker Collagen1, TGF β und PAI-1 ergab die im Folgenden dargestellten Ergebnisse.



Quantitative PCR Fibrosemarker

Abb. 12: Zusammenfassende Darstellung der relativen Expression via quantitativer PCR der Fibrosemarker Collagen1, TGF β und PAI-1 aus dem asservierten Nierengewebe beider Versuchstiergruppen von Versuchstag 35; dargestellt ist die relative Expression der Marker normiert auf den Wildtyp.

Für Collagen1 zeigt sich eine signifikant geringere Expression in der Gruppe der P2X7-KO-Tiere (4.4 ± 0.3 Δ CT; n=23) verglichen mit den Wildtyptieren (3.3 ± 0.3 Δ CT; n=23) (p<0.01). Für TGF β (P2X7-KO 7.2 ± 0.2 Δ CT; Wildtyp 6.7 ± 0.2 Δ CT; n=23) und PAI1 (P2X7-KO 9.1 ± 0.4 Δ CT; Wildtyp 8.6 ± 0.3 Δ CT; n=23) ergab sich jeweils eine tendenzielle niedrigere Expression in der Gruppe der P2X7-KO-Tiere, jedoch kein signifikanter Unterschied (p=NS) (Abb. 12).

3.4.3 Entzündungsmarker

Nachfolgend dargestellt sind die Ergebnisse der Analyse der Entzündungsmarker IL1 β , MCP-1, RANTES und NF_KB.

Quantitative PCR Entzündungsmarker

Abb. 13: Zusammenfassende Darstellung der relativen Expression via quantitativen PCR der Entzündungsmarker IL1β, MCP-1, RANTES und NF_κB aus dem asservierten Nierengewebe beider Versuchstiergruppen von Versuchstag 35; dargestellt ist die relative Expression der normiert auf den Wildtyp.

Es zeigten sich signifikant geringere Expressionen für MCP-1 und NF_KB auf Seiten der P2X7-KO-Tiere (10.3 ± 0.4 Δ CT; n=23 bzw. 11.2 ± 0.1 Δ CT; n=23) im Vergleich mit den Wildtyptieren (8.4 ± 0.4 Δ CT; n=23 bzw. 11.0 ± 0.1 Δ CT; n=23) (p<0.001 bzw. p<0.01). Für IL1 β (P2X7-KO 11.1 ± 0.3 Δ CT; Wildtyp 11.1 ± 0.3 Δ CT; n=23) und RANTES (P2X7-KO 8.5 ± 0.3 Δ CT; Wildtyp 8.2 ± 0.3 Δ CT; n=23) ergaben sich keine signifikanten Unterschiede (p>0.05) (Abb. 13).

3.5 Proteinanalyse

3.5.1 Collagen1-Blot

Für Collagen1 ergibt sich eine signifikant reduziert gemessene Menge an Collagen1 für die P2X7-KO-Tiere (1.0 \pm 0.2 AU; n=14) verglichen mit den Wildtyptieren (2.1 \pm 0.3 AU; n=14) (p<0.05) (Abb. 14).

Abb. 14: Densitrometrisch gemessene Proteinmenge von Collagen1 aus dem asservierten Nierengewebe beider Versuchstiergruppen von Versuchstag 35; dargestellt ist die relative Proteinmenge normiert auf die P2X7-KO-Tiere.

Abb. 15: Exemplarische Darstellung einer Western Blot Analyse aus asserviertem Nierengewebe unterschiedlicher P2X7-KO- und Wildtyptiere zum Zeitpunkt Versuchstag 35. Der oben dargestellte Blot zeigt die Collagen1 Proteinexpression, der untere die Eiweißbeladungskontolle mittels β-Actin.

3.6 Histologie

3.6.1 PAS-Färbung

Insgesamt zeigten sich in der Auswertung signifikant weniger sklerosierte Glomeruli in den Präparaten der P2X7-KO-Tiere (0.035 ± 0.015 ; n=23) verglichen mit denen der Wildtyptiere (0.199 ± 0.040 ; n=16) (p<0.001) (Abb. 16).

Abb. 16: Glomerulosklerose Index anhand der asservierten Nierengewebe beider Versuchstiergruppen von Versuchstag 35.

Abb. 17: PAS-Färbung von histologischen Schnitten der asservierten Nierengewebe beider Versuchstiergruppen von Versuchstag 35 (exemplarisch); A: 40-fache Vergößerung des renalen Kortex eines Wiltyptieres; B: 40-fache Vergößerung des renalen Kortex eines P2X7-KO-Tieres, pfeilmarkierte Glomeruli; C: 400-fache Vergößerung eines Glomerulus eines Wiltyptieres, pfeilmarkiert Podozyt; D: 400-fache Vergößerung eines Glomerulus eines P2X7-KO-Tieres, pfeilmarkiert Podozyt und skleorisierte Basalmembran.

3.6.2 Masson-Trichrome-Färbung

In der Auswertung mittels 400-facher Vergrößerung konnte ein signifikant geringer Teil angefärbter Collagenfasern im Interstitium in den Präparaten der P2X7-KO-Tiere nachgewiesen werden ($2.2 \pm 0.5 \%$ /HPF; n=21) verglichen mit denen der Wildtyptiere ($3.9 \pm 0.8 \%$ /HPF; n=18) (p<0.05) (Abb. 18).

Abb. 18: Anteilig angefärbte Collagenfasern anhand der asservierten Nierengewebe beider Versuchstiergruppen von Versuchstag 35

Abb. 19: Masson-Trichome-Färbung von histologischen Schnitten der asservierten Nierengewebe beider Versuchstiergruppen von Versuchstag 35 (exemplarisch); Oben: 400-fache Vergrößerung eines Glomerulus mit angrenzendem Interstitium eines Wildtyptieres; Unten: 400-fache Vergrößerung eines Gomerulus mit angrenzendem Intertsitium eines P2X7-KO-Tieres.

4 Diskussion

<u>4.1 Verlauf der chronischen Niereninsuffizienz am Modell der subtotalen</u> <u>Nephrektomie</u>

Die subtotale (5/6) Nephrektomie ist ein Modell der chronischen Nierenschädigung. Durch chirurgische Resektion von funktionellem Nierengewebe und eine damit verbundene Reduktion der absoluten Anzahl der Glomeruli, wird eine Nierenfunktionseinschränkung hervorgerufen. Daraus resultieren unter anderem eine reduzierte Filtrationsleistung im erhaltenen Nierengewebe und eine Steigerung des systolischen Blutdruck. Diese funktionellen Veränderungen setzen unmittelbar ein. zeigen einen progredienten Verlauf, gehen mit einer verkürzten Lebenserwartung einher und sind daher vergleichbar mit denen einer chronischen Niereninsuffizienz (Sari et al., 2020; Y. Zhang & Kompa, 2014). Die hier gezeigten Daten zum postoperativen Gewicht der Restniere an Tag 35 zeigen eine Hypertrophie der Nieren in beiden Versuchstiergruppen. Das Gewicht der verbleibenden Niere an Tag 35 entsprach in etwa dem Gewicht der kontralateralen Niere an Tag 0, für die Wildtyptiere wurde es überschritten. Dabei handelt es sich ehesten um eine kompensatorische Hypertrophie des verbliebenen am Nierengewebes nach 5/6 Nephrektomie. Al Banchaabouchi et al. konnten solch eine kompensatorische Hypertrophie nach Verlust von funktionellem Nierengewebe ebenso zeigen (Al Banchaabouchi, Marescau, D'Hooge, Van Marck, & De Deyn, 2001). Gemessen an diesem Parameter war der Grad der kompensatorischen Hypertrophie in der Gruppe der P2X7-KO-Tiere geringer ausgeprägt. In den vorliegenden histologischen Präparaten lässt sich dies mikroskopisch ebenfalls nachweisen. In der PAS-Färbung zeigte sich ein signifikant geringerer Grad an Glomerulosklerose, in der Masson-Trichrome-Färbung ein signifikant geringer Anteil an interstitiellen Collagen in der Gruppe der P2X7-KO-Tiere. Dies könnte indirekt bedeuten, dass die stärkere Hypertrophie in der Gruppe der Wildtyptiere mit einem höheren Grad an Fibrose und Sklerose assoziiert ist und an der Nierenfunktionseinschränkung beteiligt ist. Unterstützend hierzu haben Arfian et al. gezeigt, dass es im Rahmen der subtotalen Nephrektomie zu Entwicklung einer Glomerusklerose kommt (Arfian, Setyaningsih, Anggorowati, Romi, & Sari, 2019).

Für einen Effekt unabhängig von der Operationstechnik in beiden Versuchstiergruppen sprechen das nahezu gleiche Entnahmegewicht von

Nierengewebe an Tag 0 zusammen mit dem geringeren Nierengewicht am Explantationstag Tag 35 für die P2X7-KO-Tiere. Im Rahmen der Progredienz einer Niereninsuffizienz kommt es zu histologisch nachweisbaren Veränderungen im Nierengewebe. Die Bildung von collagenösem Ersatzgewebe ist Ausdruck einer verstärkten Fibrose, sowohl im tubulo-interstitiellen Gewebe als auch im Bereich der Glomeruli. Die hierdurch entstehende Funktionseinschränkung wird durch die weiter unten diskutierten Ergebnisse zum Grad der Proteinurie belegt. Die mittels PAS-Färbung untersuchten Glomeruli zeigten eine signifikant geringere Zahl an sklerosierten Glomeruli in der Gruppe der P2X7-KO-Tiere, was für eine besser erhaltene Entgiftungsfunktion spricht.

4.2 Unterschiede in der Nierenfunktion

Für die P2X7-KO-Tiere zeigte sich über den gesamten Versuchszeitraum eine erhöhte Konzentration von Kreatinin und Harnstoff im Urin. Hierfür können unterschiedliche Mechanismen verantwortlich sein. Mit zunehmender Einschränkung der Nierenfunktion kann ein Konzentrierungsdefekt auftreten. Daher wäre dies in dem hier dargestellten Experiment ein Hinweis auf eine bessere tubulointerstitielle Funktion im Vergleich zu den Wildtyptieren (Gentile, Natale, Lazzerini, Capecchi, & Laghi-Pasini, 2015; Szrejder, Rogacka, & Piwkowska, 2021).

Die Ergebnisse der Albumin-Kreatinin-Ratio zur Abschätzung der Albuminurie und damit der Intaktheit der glomerulären Filterbarriere weisen für die P2X7-KO-Tiere ab Tag 10 eine signifikant geringere Albuminurie auf. Da Albuminurie einen der frühesten Marker für eine Glomerulusschädigung darstellt, scheint die Funktion der Filterbarriere für die P2X7-KO-Tiere besser erhalten (Guh, 2010). Pathophysiologisch kommt es hierbei zu einer Schädigung der podozytären Schlitzmembran resultierend in einer höheren Permeabilität für Albumin. Ein erhöhter Grad an Albuminurie findet sich bei Erkrankungen wie beispielsweise der diabetischen oder hypertnesiven Nephropathie, die häufige Ursachen einer chronischen Niereninsuffizienz sind. Die geringere Albumin-Kreatinin-Ratio kann daher darauf hinweisen, dass eine mögliche geringere Progredienz einer chronischen Niereninsuffizienz besteht, womit der P2X7-Rezeptor möglicherweise mit maladaptiven Umbauvorgängen an der glomerulären Filterbarriere assoziiert sein könnte (Levin, 2013a; Verhave et al., 2004).

Ein weiterer Parameter, der Auskunft über die globale Funktion der Niere gibt, ist das Serum-Cystatin C (Ferguson, Komenda, & Tangri, 2015). Cystatin C korreliert mit Nierenfunktionseinschränkungen, weil es von allen Zellen gleichmäßig sezerniert wird und vergleichsweise weniger störanfällig ist (Benoit, Ciccia, & Devarajan, 2020). In der hier vorliegenden Untersuchung zeigt Cystatin C signifikant erhöhte Serumkonzentrationen an Tag 20 für die P2X7-KO-Tiere. In der frühen Phase der Nierenschädigung kommt es aufgrund der reduzierten Zahl der Glomeruli zu einer Hyperfiltration. In der Gruppe der Wildtyptiere ist dieser Effekt aufgrund eines Konzentrationsdefizites stärker ausgeprägt als in der Gruppe der P2X7-KO-Tiere. Daher ergibt sich zunächst eine verbesserte Gesamtclearance für Cystatin C beschrieben. dass für die Wildtyptiere. Es wurde in Fällen von Inflammationsreaktionen der Niere, in diesem Experiment ausgelöst durch die 5/6-Nephrektomie, die Serum-Konzentration von Cystatin C nicht affektiert wird (Newman et al., 1995). Song et al. haben die Reliabilität von Cystatin C in einem Mausmodell untersucht, allerdings gibt es keine Aussage zur tatsächlichen Validität. Einschränkend sollte dazu gesagt werden, dass in dem Modell von Song et al. ausschließlich Mäuse des gleichen Genotyps untersucht wurden (S. Song et al., 2009). Im zeitlichen Verlauf sehen wurde jedoch eine signifikante Reduktion der Cystatin C Serumkonzentration von Versuchstag 20 auf 35 innerhalb der Gruppe der P2X7-KO-Tiere gesehen, während die Serumkonzentrationen innerhalb der Wildtyptiere nahezu konstant blieben.

Noch während des Beobachtungszeitraumes kommt es zu einer Inflammations- und Fibrosereaktion, die in der Gruppe der P2X7-KO-Tiere geringer ausgeprägt ist. Es zeigte sich am Ende des Beobachtungszeitraums eine geringerere mRNA Expression für MCP-1 und NF_KB in der quantitativen PCR. Histologisch war eine geringergradige Glomerulosklerose mit reduzierter collagenhaltiger extrazellulärer Matrix bei P2X7 KO-Tieren zu beobachten. Diese Mechanismen könnten das Angleichen der Cystatin C Clearance im Verlauf erklären. Möglicherweise käme es zu einem wiederholt späteren Untersuchungszeitpunkt zu einer weiteren Verbesserung der Cystatin C Clearance innerhalb der Gruppe der P2X7-KO-Tiere, aufgrund einer anhaltenden geringer ausgeprägten Inflammations- und Fibrosereaktion. Analysen über 35 Tage hinausgehend liegen jedoch nicht vor.

4.3 Einfluss des P2X7-Rezeptors auf Inflammation

Eine chronische Inflammationsreaktion zeigt sich häufig simultan mit einer chronischen Niereninsuffizienz, die bei Patienten mit einer persistierenden Erhöhung der Serumkonzentrationen von beispielsweise IL1ß oder dem C-reaktiven Protein einhergeht (Gupta et al., 2012; Sato, Takahashi, & Yanagita, 2020). In einer Kohortenstudie haben Amdur et al. gezeigt, dass erhöhte Plasmakonzentrationen von Fibrinogen und TNF α mit beschleunigtem Verlust der Nierenfunktion bei chronischer Niereninsuffizienz einhergingen (Amdur et al., 2016). Im Rahmen der Progredienz einer chronischen Niereninsuffizienz zeigt sich ein Übergang von akuter Inflammationsreaktion, die zunächst protektiv gegen Infektion und metabolische Veränderungen wirkt, hin einer chronischen zu Inflammationsreaktion, die zu einem Umbau des funktionellen Gewebes führt (Mihai et al., 2018).

Der P2X7-Rezeptor spielt eine wichtige Rolle in der Mediation der Entzündungsreaktion. Im Verteilungsmuster des Rezeptors konnte im Rahmen einer chronischen Nierenschädigung unter tierexperimentellen Bedingungen wie medikamentös-induziertem Diabetes mellitus oder durch transgen bedingte Hypertonie eine deutliche Veränderung beobachtet werden. So konnte gezeigt werden, dass es hierduch zu einer deutlich vermehrten Expression des P2X7-Rezeptors an Mesangiumzellen, Podozyten und Endothelzellen der Niere kommt (Vonend et al., 2004). P2X7-Rezeptor-defiziente Mäuse in einen UUO Modell zeigten nach histologischer Aufarbeitung des Nierengewebs einen geringeren Grad an inflammationsassoziierter Fibrose (Goncalves et al., 2006). Zusätzlich konnte gezeigt werden, dass es durch die simultane LPS- und ATP-Stimulation auf Zellkulturebene an P2X7-Rezeptor-defizienten Granulozyten zu einer signifikant geringeren Ausschüttung von IL1ß und einer damit einhergehenden reduzierten Inflammationsreaktion kam (Karmakar et al., 2016). Die Ergebnisse der hier durchgeführten quantitativen PCR zeigen am Ende des Beobachtungszeitraums eine signifikant geringere Expression von mRNA für MCP-1 und NF_κB für die P2X7-KO-Tiere, aber keinen Unterschied für IL1β zwischen den Versuchstiergruppen. Die erniedrigte MCP-1-mRNA-Expression weist auf eine schwächer ausgeprägte Makrophagenaktivierung und -präsenz hin, da MCP-1 chemotaktisch auf Makrophagen wirkt (Eardley et al., 2006) und zu einer erhöhten Migration an den

Ort der Inflammation führen. Hierduch kommt es sowohl zu einem erhöhten Grad an Proteinurie (Morii et al., 2003), als auch zu einer vermehrten T-Zellvermittelten Interleukinsekretion (Deshmane, Kremlev, Amini, & Sawaya, 2009). Ein selektiver Antagonismus des P2X7-Rezeptors konnte vergleichbare Effekte mit Reduktion der Proteinurie zeigen (Bautista-Pérez et al., 2020; Pereira et al., 2020).

Die reduzierte Expression des Transkriptionsfaktors NF_kB, dessen Synthese durch die Stimulation von Interleukin 1-Rezeptors Typ I (IL1R) vermittelt wird, unterstützt diese Annahme (Gilmore, 2006; Mitchell, Vargas, & Hoffmann, 2016). Das Chemokin RANTES zeigt zwar keinen signifikanten Unterschied, aber eine Tendenz zu einer geringeren Expression in der Gruppe der P2X7 KO-Tiere. RANTES spielt vor allem eine Rolle bei der Rekrutierung von Leukozyten zu inflammatorischen Herden (Qidwai & Khan, 2016) und unterstützt gleichfalls die These, dass eine P2X7-Rezeptordefizienz in diesem Modell protektiv gegenüber einer chronischen Entzündungsreaktion wirken kann (Umetsu et al., 2021). Der fehlende Unterschied im Falle des IL1 β könnte durch den singulären Beobachtungszeitpunkt (Tag 35) der Untersuchung zu erklären sein. Vermutlich nimmt der Einfluss von IL1 β zum späten Untersuchungszeitpunkt nur noch eine untergeordnete Rolle ein. Die Inflammation wird zu diesem Zeitpunkt möglicherweise bereits von anderen Faktoren aufrechterhalten.

Bei der Entwicklung und Aufrechterhaltung dieser Inflammation könnte das NLRP3 *nucleotide-binding oligomerisation domain, leucine rich repeat and pyrin domain containing* (NLRP3) Inflammasom eine wichtige Rolle spielen (Kelley, Jeltema, Duan, & He, 2019). Inflammasome sind Teil des angeborenen Immunsystems, die durch bestimmte Triggerfaktoren aktiviert werden und an der Produktion und Prozession von Interleukinen beteiligt sind. Die Zellen der angeborenen Immunabwehr detektieren über *pattern recognition receptors* (PPRs) zum einen bestimmte mikrobielle Komponenten, die *pathogen associated molecular patterns* (PAMPs) genannt werden, in diesem Fall aber noch wichtiger auch *damage associated molecular patterns* (DAMPs). Zu den DAMPs zählt beispielsweise extrazelluläres ATP, das nach größerem Zellschaden in höheren Konzentrationen auftritt. Zu den relevanten PPRs gehören extrazelluläre *Toll-like receptors* (TLRs) und intrazelluläre *nucleotide-binding domain and leucine rich repeat containing proteins* (NLRs), die aus verschiedenen Domänen bestehen (Lamkanfi & Dixit,

2014; Takeuchi & Akira, 2010). Die Signalübertragung läuft hier meist über den NF_kB-Signalweg. Entscheidend ist, dass manche Inflammasome über ein NLR sensor molecule verfügen, dass zusammen mit dem NLR das apoptosis associated speck like protein containing a CARD (ASC) rekrutieren kann. Das ASC ist in diesem Fall relevant für den NF_kB-Signalweg. Im Falle des NLRP3 Inflammasoms wird durch TLR Aktivierung NF_{κ}B-abhängig pro-IL1 β transkribiert. Damit die aktive Form IL1ß entstehen kann, muss das pro-Interleukin noch durch Caspase-1 gespalten werden. ASC wird benötigt um die Caspase zu aktivieren (Latz, Xiao, & Stutz, 2013). Das zweite Signal zur Aktivierung des NLRP3 Inflammasoms kann stark variieren. Eine Möglichkeit der Aktivierung besteht über die Signaltransduktion Eine P2X7-Rezeptor-Defizienz via den P2X7-Rezeptor. könnte diesen Mechanismus unterbrechen, was die Effekte auf die hier dargestellten Ergebnisse erklären könnte (Ferrari et al., 2006; Karmakar et al., 2016).

4.4 Einfluss von Inflammation auf chronische Niereninsuffizienz, interstitielle Fibrose und Proteinurie

Die Monozyten und Makrophagen der Niere haben alle nötigen zellulären Bestandteile zur Aktivierung und Ausprägung des NLRP3 Inflammasoms (Anders & Muruve, 2011). Abais et al. und Zhang et al. haben gezeigt, dass nierenselektives Ausschalten der ASC Sequenz Proteinurie und Glomerulosklerose in Schädigungsmodellen mit Hyperhomocysteinämie abschwächen konnte (Abais et al., 2013; C. Zhang et al., 2012). Weiterhin konnte hier gezeigt werden, dass Inflammasomaktivierung in glomerulären Endothelzellen und Podozyten möglich ist (Kim, Kim, Kim, Lee, & Moon, 2019). Weitere Ergebnisse deuten darauf hin, dass auch murine tubuläre Epithelzellen in der Lage sind durch Inflammasomaktivierung Interleukine zu sezernieren (Homsi, Janino, & de Faria, 2006; Lichtnekert et al., 2011; J. Wang et al., 2015). IL1 liegt in zwei biologisch aktiven Formen vor: IL1α und IL1β (Chan & Schroder, 2020). Ihr gemeinsamer Effektor ist der IL1R, der auf einer Vielzahl an Zellen exprimiert wird (Boraschi, Italiani, Weil, & Martin, 2018). Durch IL1 werden weitere pro-inflammtorische wie IL6 oder TNFα, aber auch profibrotische Mediatoren wie TGF-β ausgeschüttet. Als natürliche Gegenspieler dienen der Interleukin 1-Rezeptor Antagonist (IL1-RA) und der Interleukin 1 Rezeptor Typ II (IL1RII) (Gabay et al., 2010). Ein Beitrag zur Nierenschädigung durch IL1 geschieht in Form von Rekrutierung inflammatorischer Zellen. In

Mausmodellen mit ischämischem Reperfusionsschaden konnte gezeigt werden, dass durch IL1 die renale Schädigung durch vermehrtes Auftreten von Makrophagen und neutrophilen Granulozyten gesteigert wurde (Furuichi et al., 2006). Supression der Interleukinwirkung zeigte eine Verbesserung der Progredienz experimenteller Glomerulonephritis. Lan et al. konnten hier zeigen, dass durch Einsatz von IL1-Rezeptor Antagonisten ein signifikant geringerer Grad an Proteinurie und eine insgesamt besser erhaltene Nierenfunktion erreicht werden konnten (Lan et al., 1993). Bezogen auf die Rolle des P2X7-Rezeptors in der Exkretion von IL1^β, könnte ein geringerer Einfluss von IL1 eine Rolle in dem hier dargestellten Modell spielen. Timoschanko et. al konnten zeigen, dass in einem anti-GBM-induzierter Glomerulonephritis ein geringerer Grad Modell an Makrophageninfiltration in IL1β-defizienten Mäusen zu erkennen war (Timoshanko, Kitching, Iwakura, Holdsworth, & Tipping, 2004). DAMPs wie ATP, Harnsäure, mitochondriale reactive oxygen species (ROS), aber auch Bestandteile der extrazellulären Matrix wie Hyaluronsäure oder Biglykane sind an der Aktivierung des Inflammasoms beteiligt (Anders & Schaefer, 2014). Die Ergebnisse der in diesem Modell durchgeführten PAS-Färbung zeigten einen signifikant geringeren Grad an Glomerulosklerose in der Gruppe der P2X7 KO-Tiere. In einem Rattenmodell mit Albumin-induzierter Nephropathie konnten Liu et al. zeigen, dass Albuminurie renale Inflammation durch mitochondriale **ROS-abhängige** Inflammasomaktivierung unterhalten könnte (Liu et al., 2014). Die in unseren Ergebnissen dargestellte Albumin-Kreatinin-Ratio zeigte ab Versuchtag 20 signifikant niederigere Werte für die P2X7-KO-Tiere. Die höhergradige Albuminurie der Wildtyptiere könnte also eine zusätzliche Verstärkung der renalen Inflammation mit sich bringen. Qian et. al konnten in einem renalen Schädigungsmodell im Tierversuch mit induziertem Reperfusionsschaden zeigen, dass durch Blockade des P2X7-Rezeptors es zu einer geringer ausgeprägten Inflammasom- und IL1βvermittelten Inflammationsreaktion gekommen ist (Qian et al., 2021). Bezogen auf die Ergebnisse dieser Doktorarbeit kann die Aktivierung des Inflammasoms über den P2X7-Signalweg als möglicher Mechanismus einen Beitrag zur Progredienz der chronischen Niereninsuffizienz leisten.

Die chronische Niereninsuffizienz geht mit Fibrosierung einher, die zu einem Funktionsverlust führt. Eine besondere Schlüsselfunktion bei der Induktion von

Fibrose bei renalen Erkrankungen kommt dem TGFβ zu (Bottinger, 2007; Morikawa, Derynck, & Miyazono, 2016; W. Wang et al., 2005). Die TGFβ-Familie enthält drei darstellt und im Folgenden mit dem Begriff TGFß gemeint ist. Alle renalen Zelltypen sind in der Lage TGFβ zu produzieren (Roberts, 1998). Sezerniert wird es als inaktive Vorläuferform (latentes TGFβ) mit einem latency-associated peptide (LAP) gebunden an latent TGFB binding proteins (LTBPs). Durch Stimulation mit beispielsweise ROS kann es in seine aktive Form übergehen und der vor allem auto- oder parakrinen Signaltransduktion dienen. TGFß bindet an den TGFß-Rezeptor Typ 2 (TβRII) wodurch die TGFβ Rezeptor Typ 1-Kinase (TβRI) aktiviert wird. Diese phosphoryliert intrazellulär die rezeptorassoziierten SMAD-Proteine 2 und 3 (Smad2 und Smad3), die zusammen mit dem common SMAD-Protein 4 (Smad4) einen Komplex bilden. Dieser Komplex wird in den Nucleus der Zelle transloziert um die Transkription bestimmter Gene zu regulieren (Derynck & Zhang, 2003). Das SMAD-Protein 7 (Smad7) fungiert in dieser Kaskade als physiologischer Inhibitor für smad2/3 und den TßRI im Sinne eines negativen Feedbacks, da es unter anderem durch smad3 induziert werden kann (Ebisawa et al., 2001; Hu et al., 2018; Kavsak et al., 2000).

Das Hauptcharakteristikum renaler Fibrose ist die starke Ablagerung von extrazellulärer Matrix (ECM), die im Rahmen der Progredienz chronischer Niereninsuffizienz auftritt (Eddy & Neilson, 2006; Nogueira, Pires, & Oliveira, 2017). Die hier vorliegenden histologischen Ergebnisse haben zum einem einen geringeren Grad an Glomerulosklerose, aber auch einen geringeren Anteil an collagenhaltiger extrazellulärer Matrix im Sinne einer verminderten interstitiellen Fibrose in der Gruppe der P2X7-KO-Tiere zeigen können. Die gemessenen Unterschiede im Grad der Fibrosierung konnten mittels Masson-Trichrome-Färbung reproduziert werden. Es zeigen sich morphometrisch signifikant geringere Anteile an gefärbter Matrix für die P2X7-KO-Tiere, was einen geringeren Grad an Fibrose anzeigt. Ein möglicher Mechanismus hierfür könnte eine verminderte TGFβ-abhängige Produktion von extrazellulärer Matrix sein. Für Collagen1 als wichtiger Bestandteil von extrazellulärer Matrix konnte eine signifikant geringere Expression in der Gruppe der P2X7-KO-Tiere nachgewiesen werden, für TGFβ zeigt sich eine Tendenz zu geringerer Expression für die P2X7-KO-Tiere. Die verschiedenen

biologischen Eigenschaften von TGF β sind gut untersucht und umfassen unter anderem Zellproliferation und -differenzierung, Apoptose und Produktion von extrazellulärer Matrix (Meng, Chung, & Lan, 2013). Weitere Studien konnten zeigen, dass TGF^β substanziell erhöhte Expression in geschädigten Nieren sowohl beim Menschen als auch Tiermodellen zeigt (Bottinger & Bitzer, 2002; Chen et al., 2018; Yamamoto et al., 1996). Murakami et al. haben beschrieben, dass eine erhöhte TGF_β-Konzentration im Urin bei Patienten mit verschiedenen Nierenerkrankungen positiv mit dem Grad der renalen Fibrose korreliert (Murakami, Takemura, Hino, & Yoshioka, 1997). Tierexperimentelle Arbeiten mit transgenen Mäusen, die hohe Konzentrationen an TGF^β in Hepatozyten produzierten, zeigten deutliche histologische Veränderung wie beispielsweise Expansion der Mesangiums, tubulointerstitielle Fibrose und tubuläre Atrophie. Weiterhin entwickelten diese Tiere konsekutiv eine Proteinurie, die zu weiterer Nierenfunktionseinschränkung führte (Kopp et al., 1996; Sanderson et al., 1995). In einem Modell der unilateralen Ureterobstruktion haben Moon et al. gezeigt, dass durch selektive Inhibition des TGF_β-Signalweges signifikant geringere fibrotische Veränderungen in Rattennieren nachzuweisen waren, aber auch eine geringere Expression von TGFß zu detektieren war (Moon et al., 2006). Neuere Arbeiten deuten darauf hin, dass durch TGFβ-Rezeptor Typ 2 Blockade allerdings auch die anti-inflammatorische Wirkung des TGF^β beeinträchtigt wird. Durch Smad3 wird das inhibitorische Smad7 stimuliert (Budi, Duan, & Derynck, 2017). Smad7 seinerseits ist aber auch der Inhibition des NF_kB-Signalweges, der durch IL1 β stimuliert werden kann, beteiligt. Fällt diese Inhibition weg, kann es zu vermehrter pro-inflammatorischer Transkription kommen (Meng et al., 2012). Babelova et al. konnten zeigen, dass Biglykan-defiziente Mäusen in einem Tiermodell mit unilateraler Ureterobstruktion weniger renale Schädigung im Sinne von tubulointerstitieller Fibrose aufwiesen. Zusätzlich wurde in dieser Arbeit der Effekt von P2X7-Rezeptordefizienz mitberücksichtigt, der sich günstig auf die gemessenen IL1β-Konzentrationen und ebenfalls auf den Grad an Fibrose auswirkte (Babelova et al., 2009). Huang et al. haben in einem UUO-Modell mit transgenen Mäusen gezeigt, dass durch latentes TGF^β eine Hochregulierung von Smad7 erfolgt. Dadurch ergab sich eine verminderte inflammatorische, aber auch fibrotische Reaktion im Gewebe nach UUO (Huang, Chung, Wang, Lai, & Lan, 2008). In der Zusammenschau konnten in dieser Doktorarbeit gezeigt werden, dass es auf Ebene der Genexpressionsanalyse

zu einer Verminderung relevanter Fibrosemarker gekommen ist und sich durch die histologischen Untersuchungen bestätigen ließ. Insgesamt vermittelt TGFß seine profibrotische Wirkung durch mehrere möglichen Mechanismen. Es induziert direkt die Produktion extrazellulärer Matrix, die Collagen1 und Fibronectin enthält, durch Smad3-ahängige, aber auch -- unabhängige Signalwege (Samarakoon, Overstreet, Higgins, & Higgins, 2012). TGF^β inhibiert die Aktivität von sog. Matrix-Metalloproteinasen (MMPs), die am Ab- und Umbau von ECM beteiligt sind und induziert gleichzeitig tissue inhibitors of metalloproteinases (TIMPs), als natürliche Gegenspieler der MMPs. Mittels Western Blot Analyse für Collagen1 konnte in dieser Arbeit eine ebenfalls signfikant geringere Expression an Collagen in der Gruppe der P2X7-KO-Tiere gemessen werden. Es wird diskutiert, dass TGFß ebenfalls eine kritische Rolle im Rahmen von Zelltransdifferenzierung von Epithel, Endothel und Perizyten in Richtung Myofibroblasten spielt (Meng et al., 2013; Wu et al., 2013). Myofibroblasten selbst synthetisieren vermehrt extrazelluläre Matrixproteinen, hierin könnte ein möglicher Mechanismus begründet sein (Sun, Qu, Caruana, & Li, 2016). Auf verschiedene renale Zelltypen hat TGFβ ebenfalls eine direkte Wirkung: es kann die Proliferation von Mesangiumzellen fördern, um die Produktion von ECM zu erhöhen, oder induziert die Elimination von Podozyten und Tubulusepithel, was zu einer Progredienz der renalen Schädigung und zu einer Zunahme der renalen Fibrose führen kann (Bottinger & Bitzer, 2002; Lopez-Hernandez & Lopez-Novoa, 2012).

Der P2X7-Rezeptor spielt eine Schlüsselrolle in der Prozession von aktivem IL1 β und kann durch para- oder autokrine Signaltransduktion zu einem Anstieg von TGF β führen (LeRoy, Trojanowska, & Smith, 1990). In vitro Studien konnten zeigen, dass IL1 β konzentrationsabhängig Collagenexpression stimulieren kann (Postlethwaite et al., 1988). Da IL1 β in der Lage ist seine eigene Genexpression zu induzieren, könnte eine Aktivierung des NALP3-Inflammasoms zu einer kontinuierlichen Freisetzung von IL1 β führen. Ein positiver Feedback-Mechanismus könnte dazu beitragen dauerhaft Expression an TGF β zu erzeugen, die letztlich in Gewebefibrose resultiert (Artlett, 2012). Solini et al. haben in diesem Zusammenhang gezeigt, dass P2X7-Rezeptoraktivierung zu einer TGF β -Sekretion und in Folge zur Produktion extrazellulärer Matrix aus dem Mesangium führt (Solini et al., 2005). P2X7-Rezeptor-defiziente Mäuse zeigten experimentell eine geringe

Zahl an Myofibroblasten, verminderte Collagenablagerung und generell verminderte TGFβ-Expression im renalen Intertsitium (Goncalves et al., 2006). Möglicherwiese können Myofibroblasten daher direkt durch P2X7-Rezeptoraktivierung stimuliert werden. Eine indirekte Stimulation könnte über IL1β durch Förderung von Fibroblastenproliferation und der Synthese extrazellulärer Matrix erfolgen.

Die Genexpression des Serinprotease Inhibitors plasminogen activator inhibitor 1 (PAI-1) wird unter anderem von TGFβ induziert (Samarakoon et al., 2012). PAI-1 wird von einer Vielzahl an Zellen synsthetisiert, darunter Adipozyten, Gefäßendothel, Kardiomyozyten, Makrophagen und Fibroblasten. Die aktive Form von PAI-1 wirkt als natürlicher Inhibitor der Enzyme urokinase plasminogen activator (uPA) und tissue plasminogen activator (tPA). Es verhindert die Aktivierung der Protease Plasmin, die vor allem bei der Blutgerinnung relevant ist, die Aktivierung latentem TGFB und die Prozession von pro-MMPs zu von MMPs. Zusammengefasst verhindert es den proteolytischen Abbau von extrazellulärer Matrix (Hertig et al., 2003; Lackie, 2008) und unterstützt über diesen Weg den Grad der Fibrose (Flevaris & Vaughan, 2017). Es konnte festgestellt werden, dass die Promoterregion von PAI-1 Bindungsstellen für die SMAD-Proteine 2 und 3 enthält (Nagamine, 2008). Hier ergibt sich eine Verbindung zum TGFβ-Signalweg. Guo et. al konnten in einer Studie mit Mesangiumzellen aus Ratten zeigen, dass TGFß auch unabhängig von Smad2/3 die Genexpression von PAI-1 induziert (Guo et al., 2005). Ein Beispiel für eine Smad-abhängige Signaltransduktion lieferten Song et al. in einer Studie in der die PAI-1 Expression in humanen Mesangiumzellen Smadabhängig stimuliert wurde (C. Y. Song, Kim, Hong, & Lee, 2005). Zusammengefasst zeigt sich die Induktion von PAI-1 gewebe- und zellabhängig, wobei eine Verbindung zum TGF β -Signalweg besteht. Es ist bekannt, dass veränderte, unphysiologische Expression von PAI-1 mit fibrotischen Veränderungen in der Niere assoziiert ist (Malgorzewicz, Skrzypczak-Jankun, & Jankun, 2013). Dieser Zusammenhang wurde von Oda et al. in einem Modell der UUO-Modell mit PAI-1defizienten Mäusen aufgezeigt, die eine signifkant geringere Expression von TGFß zeigten (Oda et al., 2001). In der hier vorliegenden Genexpressionsanalyse zu PAI-1 zeigte sich zwar kein signifikanter Unterschied, jedoch aber eine Tendenz zu geringerer PAI-1-Expression in der Gruppe der P2X7-KO-Tiere. Ma et al. haben in diesem Zusammenhang gezeigt, dass PAI-1-defiziente Mäuse in einem Modell der

5/6 Nephrektomie vor Glomerusklerose geschützt sind. Mittels PAS Färbung konnte von dieser Arbeitsgruppe signifikant weniger Glomerulosklerose und Hypertrophie beobachtet werden (Ma, Naito, Han, & Fogo, 2005). Die Ergebnisse der in dieser Arbeit durchgeführten PAS Färbung zeigten einen signifikant geringeren Grad an sklerosierten Glomeruli für die P2X7-KO-Tiere verglichen mit den Wildtyptieren. Dieser Effekt könnte für das Modell teilweise PAI-1 vermittelt sein, so dass P2X7-Rezeptordefizienz auch einen Einfluss auf PAI1-vermittelte Effekte haben könnte. Unterstützt wird die Relevanz von PAI-1 im Zusammenhang mit renaler Fibrose durch die Beobachtung, dass überexprimiertes TGFβ die PAI-1 Expression und die Ablagerung von collagener Matrix in TGFβ- transgenen Mäusen stimuliert. Hier zeigte sich, dass PAI-1-Defizienz die Expansion mesangialer Matrix und eine Verdickung der Basalmembran vermindert (Krag, Danielsen, Carmeliet, Nyengaard, & Wogensen, 2005).

4.5 P2X7-Rezeptor und Blutdruck

In dieser Arbeit zeigte der systolische Blutdruck signifikant geringere Werte in der Gruppe der P2X7-KO-Tiere. Exprimiert wird der P2X7-Rezeptor in renalen arteriellen Stromgebieten und in Perizyten, die die mikrovaskulären Bereiche umgeben (Kawamura et al., 2003; Lewis & Evans, 2001). Turner et al. haben immunhistochemisch gezeigt, dass es auch P2X7-Rezeptorexpression in der glatten Gefäßmuskulatur der Intermediärarterien der Niere beim Menschen gibt (Turner et al., 2007). Diese Ergebnisse konnten durch Lewis und Evans in einem Rattenmodell bestätigt werden (Lewis & Evans, 2001). Zusätzlich zeigt eine Arbeit von Menzies et al. Rezeptorexpression am Endothel prä-glomerulärer Gefäße und in den Vasa recta des Tubulussystems (Menzies et al., 2013). In letztgenannter Arbeit wurden Lewis Ratten, die vergleichweise unempfindlich gegenüber Hypertonie induziertem vaskulärem Schaden sind, mit F334 Ratten, die eine Anfälligkeit für renale Gefäßschäden haben, verglichen. Die F334 Ratten zeigten hier eine Hochregulation des P2X7-Rezeptors. Diese Ergebnisse zeigten, dass die F334 Ratten erst bei hohen systolischen Blutdrücken in der Nierenarterie eine ausreichende Diurese aufwiesen. Durch selektiven Antagonismus des P2X7-Rezeptors verbesserte sich die gemessene Druck-Diurese-Kurve, was auf eine bessere Blutdruckhömöostase hindeutet; hierin könnte ein möglicher Mechanismus begründet sein. Ähnliche Ergebnisse erzielten Ji et al. in einem Hypertoniemodell

bei Mäusen mittels salzreicher Diät und subkutaner Implantation von Kortikosteroidpallets. Die P2X7-KO-Tiere in diesem Modell zeigten im Verlauf einen signifikant geringeren systolischen Blutdruck verglichen mit den Wildtyptieren, bei besser erhaltener Kreatininclearence (Ji, Naito, Weng, et al., 2012). In einer weiteren Arbeit mit salzsensitiver Hypertonie und medikamentösem P2X7-Rezeptorantagonismus konnten die Ergebnisse zu signifikant geringerem Blutdruck reproduziert werden (Ji, Naito, Hirokawa, et al., 2012). In der Zusammenschau mit der verminderten Inflammations- und Fibrosereaktion könnte diese Tatsache die renale Schädigung in dem Tiermodell dieser Doktorarbeit weiter günstig beeinflusst haben. In einem Tiersersuch mit Angiontensin-induzierter Hypertonie konnte der selektive Antagonismus des P2X7-Rezeptors zu einer Normalisierung der Druckverhältnisse in den Vasa afferentes und efferentes des Glomerulus beitragen, was einen positiven Effekt auf die Langzeitentwicklung des Blutdruckes haben könnte (Bautista-Pérez et al., 2020).

4.6 Relevanz der Untersuchung und Ausblick auf mögliche Folgearbeiten

Mit dieser Arbeit konnte gezeigt werden, dass durch das die 5/6 Nephrektomie eine renale Schädigung erzeugt wird, die mit einer erhöhten inflammatorischen und fibrotischen Reaktion einhergeht, die in der Gruppe der P2X7-KO-Tiere mit signifikant weniger pathologischen Veränderungen einhergeht. Es wurde dargestellt, dass es zu einer signifikant geringeren Expression an inflammatorischenMarkern gekommen ist, die eine verminderte IL1β-vermittelte Entzündungsantwort durch verminderte Rekrutierung inflammatorischer Zellen nahelegen. Die daraus resultierende bessere Nierenfunktion ließ sich durch die geringere Albuminurie der P2X7-KO-Tiere erhärten. Die P2X7-KO-Tiere zeigten in den histopathologischen Untersuchungen einen geringeren Grad an interstitieller Fibrose sowie Glomerulosklersose. Zusammenfassend lassen die Ergebnisse dieser Doktorarbeit die Schlussfolgerung zu, dass eine P2X7-Rezeptordefizienz im der 5/6 Nephrektomie vor der Progredienz einer chronischen Modell Niereninsuffizienz schützen kann. Der dargestellte Mechanismus mit Disruption des P2X7-Signaltransduktionswegs stellt einen möglichen pharmakotherapeutischen Ansatzpunkt, z.B. mit dem möglichen Antagonisten Brilliantblau, dar (Pereira et al., 2020). Die weitere Differenzierung der zu Grunde liegenden Signalwege stellt dabei eine wichtige Aufgabe zukünftiger Forschung dar.

5 Literaturverzeichnis

- Abais, J. M., Zhang, C., Xia, M., Liu, Q., Gehr, T. W., Boini, K. M., et al. (2013). NADPH oxidasemediated triggering of inflammasome activation in mouse podocytes and glomeruli during hyperhomocysteinemia. *Antioxid Redox Signal*, 18(13), 1537-1548.
- Abbracchio MP, C. F., FredholmBB, Williams M (1993). Purinoceptor nomenclature: A status report. Drug Development Research, 28(3), 207 - 213.
- Al Banchaabouchi, M., Marescau, B., D'Hooge, R., Van Marck, E., & De Deyn, P. P. (2001). Biochemical, histological and behavioral consequences of nephrectomy in young and aged mice. *Nephron*, 89(1), 90-100.
- Amdur, R. L., Feldman, H. I., Gupta, J., Yang, W., Kanetsky, P., Shlipak, M., et al. (2016). Inflammation and Progression of CKD: The CRIC Study. *Clin J Am Soc Nephrol*, *11*(9), 1546-1556.
- Anders, H. J., & Muruve, D. A. (2011). The inflammasomes in kidney disease. J Am Soc Nephrol, 22(6), 1007-1018.
- Anders, H. J., & Schaefer, L. (2014). Beyond tissue injury-damage-associated molecular patterns, toll-like receptors, and inflammasomes also drive regeneration and fibrosis. J Am Soc Nephrol, 25(7), 1387-1400.
- Anderson, C. M., & Nedergaard, M. (2006). Emerging challenges of assigning P2X7 receptor function and immunoreactivity in neurons. *Trends Neurosci, 29*(5), 257-262.
- Arfian, N., Setyaningsih, W. A. W., Anggorowati, N., Romi, M. M., & Sari, D. C. R. (2019). Ethanol Extract of Centella asiatica (Gotu Kola) Attenuates Tubular Injury Through Inhibition of Inflammatory Cytokines and Enhancement of Anti-Fibrotic Factor in Mice with 5/6 Subtotal Nephrectomy. *Malays J Med Sci, 26*(5), 53-63.
- Artlett, C. M. (2012). The Role of the NLRP3 Inflammasome in Fibrosis. Open Rheumatol J, 6, 80-86.
- Babelova, A., Moreth, K., Tsalastra-Greul, W., Zeng-Brouwers, J., Eickelberg, O., Young, M. F., et al. (2009). Biglycan, a danger signal that activates the NLRP3 inflammasome via toll-like and P2X receptors. J Biol Chem, 284(36), 24035-24048.
- Bautista-Pérez, R., Pérez-Méndez, O., Cano-Martínez, A., Pacheco, U., Santamaría, J., Rodríguez-Iturbe, F. R. B., et al. (2020). The Role of P2X7 Purinergic Receptors in the Renal Inflammation Associated with Angiotensin II-induced Hypertension. *Int J Mol Sci, 21*(11).
- Benoit, S. W., Ciccia, E. A., & Devarajan, P. (2020). Cystatin C as a biomarker of chronic kidney disease: latest developments. *Expert Rev Mol Diagn*, *20*(10), 1019-1026.
- Boraschi, D., Italiani, P., Weil, S., & Martin, M. U. (2018). The family of the interleukin-1 receptors. Immunol Rev, 281(1), 197-232.
- Bottinger, E. P. (2007). TGF-beta in renal injury and disease. Semin Nephrol, 27(3), 309-320.
- Bottinger, E. P., & Bitzer, M. (2002). TGF-beta signaling in renal disease. J Am Soc Nephrol, 13(10), 2600-2610.
- Budi, E. H., Duan, D., & Derynck, R. (2017). Transforming Growth Factor-β Receptors and Smads: Regulatory Complexity and Functional Versatility. *Trends Cell Biol*, *27*(9), 658-672.
- Burnstock, G. (1978). A basis for distinguishing two types of purinergic receptor. *Cell Membrane Receptors for Drugs and Hormones: A Multidisciplinary Approach*, 107 - 118
- Burnstock, G. (2012). Purinergic signalling: Its unpopular beginning, its acceptance and its exciting future. *Bioessays*, 34(3), 218-225.
- Burnstock, G., & Knight, G. E. (2004). Cellular distribution and functions of P2 receptor subtypes in different systems. *Int Rev Cytol, 240*, 31-304.
- Chan, A. H., & Schroder, K. (2020). Inflammasome signaling and regulation of interleukin-1 family cytokines. *J Exp Med*, *217*(1).
- Chen, L., Yang, T., Lu, D. W., Zhao, H., Feng, Y. L., Chen, H., et al. (2018). Central role of dysregulation of TGF-β/Smad in CKD progression and potential targets of its treatment. *Biomed Pharmacother*, 101, 670-681.

- Chessell, I. P., Hatcher, J. P., Bountra, C., Michel, A. D., Hughes, J. P., Green, P., et al. (2005). Disruption of the P2X7 purinoceptor gene abolishes chronic inflammatory and neuropathic pain. *Pain*, 114(3), 386-396.
- Chiao, C. W., Tostes, R. C., & Webb, R. C. (2008). P2X7 receptor activation amplifies lipopolysaccharide-induced vascular hyporeactivity via interleukin-1 beta release. J Pharmacol Exp Ther, 326(3), 864-870.
- Derynck, R., & Zhang, Y. E. (2003). Smad-dependent and Smad-independent pathways in TGF-beta family signalling. *Nature*, 425(6958), 577-584.
- Deshmane, S. L., Kremlev, S., Amini, S., & Sawaya, B. E. (2009). Monocyte chemoattractant protein-1 (MCP-1): an overview. *J Interferon Cytokine Res, 29*(6), 313-326.
- Di Virgilio, F., Chiozzi, P., Falzoni, S., Ferrari, D., Sanz, J. M., Venketaraman, V., et al. (1998). Cytolytic P2X purinoceptors. *Cell Death Differ, 5*(3), 191-199.
- Drury, A. N., & Szent-Gyorgyi, A. (1929). The physiological activity of adenine compounds with especial reference to their action upon the mammalian heart. *J Physiol, 68*(3), 213-237.
- Eardley, K. S., Zehnder, D., Quinkler, M., Lepenies, J., Bates, R. L., Savage, C. O., et al. (2006). The relationship between albuminuria, MCP-1/CCL2, and interstitial macrophages in chronic kidney disease. *Kidney Int*, 69(7), 1189-1197.
- Ebisawa, T., Fukuchi, M., Murakami, G., Chiba, T., Tanaka, K., Imamura, T., et al. (2001). Smurf1 interacts with transforming growth factor-beta type I receptor through Smad7 and induces receptor degradation. *J Biol Chem, 276*(16), 12477-12480.
- Eddy, A. A., & Neilson, E. G. (2006). Chronic kidney disease progression. J Am Soc Nephrol, 17(11), 2964-2966.
- Ferguson, T. W., Komenda, P., & Tangri, N. (2015). Cystatin C as a biomarker for estimating glomerular filtration rate. *Curr Opin Nephrol Hypertens*, 24(3), 295-300.
- Ferrari, D., Chiozzi, P., Falzoni, S., Dal Susino, M., Melchiorri, L., Baricordi, O. R., et al. (1997). Extracellular ATP triggers IL-1 beta release by activating the purinergic P2Z receptor of human macrophages. J Immunol, 159(3), 1451-1458.
- Ferrari, D., Pizzirani, C., Adinolfi, E., Lemoli, R. M., Curti, A., Idzko, M., et al. (2006). The P2X7 receptor: a key player in IL-1 processing and release. *J Immunol, 176*(7), 3877-3883.
- Fintha, A., Sebe, A., Masszi, A., Terebessy, T., Huszar, T., Rosivall, L., et al. (2007). Angiotensin II activates plasminogen activator inhibitor-I promoter in renal tubular epithelial cells via the AT1 receptor. *Acta Physiol Hung, 94*(1-2), 19-30.
- Flevaris, P., & Vaughan, D. (2017). The Role of Plasminogen Activator Inhibitor Type-1 in Fibrosis. Semin Thromb Hemost, 43(2), 169-177.
- Furuichi, K., Wada, T., Iwata, Y., Kokubo, S., Hara, A., Yamahana, J., et al. (2006). Interleukin-1dependent sequential chemokine expression and inflammatory cell infiltration in ischemiareperfusion injury. *Crit Care Med*, 34(9), 2447-2455.
- Gabay, C., Lamacchia, C., & Palmer, G. (2010). IL-1 pathways in inflammation and human diseases. *Nat Rev Rheumatol, 6*(4), 232-241.
- Gentile, D., Natale, M., Lazzerini, P. E., Capecchi, P. L., & Laghi-Pasini, F. (2015). The role of P2X7 receptors in tissue fibrosis: a brief review. *Purinergic Signal,* 11(4), 435-440.
- Gilmore, T. D. (2006). Introduction to NF-kappaB: players, pathways, perspectives. *Oncogene*, 25(51), 6680-6684.
- Goncalves, R. G., Gabrich, L., Rosario, A., Jr., Takiya, C. M., Ferreira, M. L., Chiarini, L. B., et al. (2006). The role of purinergic P2X7 receptors in the inflammation and fibrosis of unilateral ureteral obstruction in mice. *Kidney Int, 70*(9), 1599-1606.
- Guh, J. Y. (2010). Proteinuria versus albuminuria in chronic kidney disease. *Nephrology (Carlton),* 15 Suppl 2, 53-56.
- Guo, B., Inoki, K., Isono, M., Mori, H., Kanasaki, K., Sugimoto, T., et al. (2005). MAPK/AP-1dependent regulation of PAI-1 gene expression by TGF-beta in rat mesangial cells. *Kidney Int*, 68(3), 972-984.

- Gupta, J., Mitra, N., Kanetsky, P. A., Devaney, J., Wing, M. R., Reilly, M., et al. (2012). Association between albuminuria, kidney function, and inflammatory biomarker profile in CKD in CRIC. *Clin J Am Soc Nephrol*, 7(12), 1938-1946.
- Hertig, A., Berrou, J., Allory, Y., Breton, L., Commo, F., Costa De Beauregard, M. A., et al. (2003). Type 1 plasminogen activator inhibitor deficiency aggravates the course of experimental glomerulonephritis through overactivation of transforming growth factor beta. *Faseb j*, 17(13), 1904-1906.
- Hillman, K. A., Burnstock, G., & Unwin, R. J. (2005). The P2X7 ATP receptor in the kidney: a matter of life or death? *Nephron Exp Nephrol, 101*(1), e24-30.
- Homsi, E., Janino, P., & de Faria, J. B. (2006). Role of caspases on cell death, inflammation, and cell cycle in glycerol-induced acute renal failure. *Kidney Int, 69*(8), 1385-1392.
- Hu, H. H., Chen, D. Q., Wang, Y. N., Feng, Y. L., Cao, G., Vaziri, N. D., et al. (2018). New insights into TGF-β/Smad signaling in tissue fibrosis. *Chem Biol Interact, 292*, 76-83.
- Huang, X. R., Chung, A. C., Wang, X. J., Lai, K. N., & Lan, H. Y. (2008). Mice overexpressing latent TGF-beta1 are protected against renal fibrosis in obstructive kidney disease. Am J Physiol Renal Physiol, 295(1), F118-127.
- Ji, X., Naito, Y., Hirokawa, G., Weng, H., Hiura, Y., Takahashi, R., et al. (2012). P2X(7) receptor antagonism attenuates the hypertension and renal injury in Dahl salt-sensitive rats. *Hypertens Res*, 35(2), 173-179.
- Ji, X., Naito, Y., Weng, H., Endo, K., Ma, X., & Iwai, N. (2012). P2X7 deficiency attenuates hypertension and renal injury in deoxycorticosterone acetate-salt hypertension. Am J Physiol Renal Physiol, 303(8), F1207-1215.
- Karmakar, M., Katsnelson, M. A., Dubyak, G. R., & Pearlman, E. (2016). Neutrophil P2X7 receptors mediate NLRP3 inflammasome-dependent IL-1beta secretion in response to ATP. *Nat Commun*, 7, 10555.
- Kavsak, P., Rasmussen, R. K., Causing, C. G., Bonni, S., Zhu, H., Thomsen, G. H., et al. (2000). Smad7 binds to Smurf2 to form an E3 ubiquitin ligase that targets the TGF beta receptor for degradation. *Mol Cell*, 6(6), 1365-1375.
- Kawamura, H., Sugiyama, T., Wu, D. M., Kobayashi, M., Yamanishi, S., Katsumura, K., et al. (2003). ATP: a vasoactive signal in the pericyte-containing microvasculature of the rat retina. J Physiol, 551(Pt 3), 787-799.
- Kelley, N., Jeltema, D., Duan, Y., & He, Y. (2019). The NLRP3 Inflammasome: An Overview of Mechanisms of Activation and Regulation. *Int J Mol Sci, 20*(13).
- Kim, Y. G., Kim, S. M., Kim, K. P., Lee, S. H., & Moon, J. Y. (2019). The Role of Inflammasome-Dependent and Inflammasome-Independent NLRP3 in the Kidney. *Cells*, 8(11).
- Kopp, J. B., Factor, V. M., Mozes, M., Nagy, P., Sanderson, N., Bottinger, E. P., et al. (1996). Transgenic mice with increased plasma levels of TGF-beta 1 develop progressive renal disease. *Lab Invest*, 74(6), 991-1003.
- Koushanpour, E. (2013). Renal physiology: principles, structure, and function.
- Krag, S., Danielsen, C. C., Carmeliet, P., Nyengaard, J., & Wogensen, L. (2005). Plasminogen activator inhibitor-1 gene deficiency attenuates TGF-beta1-induced kidney disease. *Kidney Int, 68*(6), 2651-2666.
- Lackie, P. M. (2008). Molecular portfolios: cells interacting with matrix in repairing airway epithelium. *Clin Exp Allergy*, *38*(12), 1840-1843.
- Lamkanfi, M., & Dixit, V. M. (2014). Mechanisms and functions of inflammasomes. *Cell, 157*(5), 1013-1022.
- Lammas, D. A., Stober, C., Harvey, C. J., Kendrick, N., Panchalingam, S., & Kumararatne, D. S. (1997). ATP-induced killing of mycobacteria by human macrophages is mediated by purinergic P2Z(P2X7) receptors. *Immunity*, 7(3), 433-444.
- Lan, H. Y., Nikolic-Paterson, D. J., Zarama, M., Vannice, J. L., & Atkins, R. C. (1993). Suppression of experimental crescentic glomerulonephritis by the interleukin-1 receptor antagonist. *Kidney Int*, 43(2), 479-485.

- Latz, E., Xiao, T. S., & Stutz, A. (2013). Activation and regulation of the inflammasomes. *Nat Rev Immunol, 13*(6), 397-411.
- LeRoy, E. C., Trojanowska, M. I., & Smith, E. A. (1990). Cytokines and human fibrosis. *Eur Cytokine Netw*, 1(4), 215-219.
- Levin, A. (2013a). Kidney Disease: Improving Global Outcomes (KDIGO) CKD Work Group. KDIGO 2012 Clinical Practice Guideline for the Evaluation and Management of Chronic Kidney Disease. *Kidney International Supplements* 3(1), 1 - 150.
- Levin, A. (2013b). Kidney Disease: Improving Global Outcomes (KDIGO) CKD Work Group. KDIGO 2012 Clinical Practice Guideline for the Evaluation and Management of Chronic Kidney Disease. *Kidney International, Supplements 3*(1), 1 - 150.
- Lewis, C. J., & Evans, R. J. (2001). P2X receptor immunoreactivity in different arteries from the femoral, pulmonary, cerebral, coronary and renal circulations. *J Vasc Res, 38*(4), 332-340.
- Lichtnekert, J., Kulkarni, O. P., Mulay, S. R., Rupanagudi, K. V., Ryu, M., Allam, R., et al. (2011). Anti-GBM glomerulonephritis involves IL-1 but is independent of NLRP3/ASC inflammasomemediated activation of caspase-1. *PLoS One, 6*(10), e26778.
- Liu, D., Xu, M., Ding, L. H., Lv, L. L., Liu, H., Ma, K. L., et al. (2014). Activation of the NIrp3 inflammasome by mitochondrial reactive oxygen species: a novel mechanism of albumininduced tubulointerstitial inflammation. *Int J Biochem Cell Biol*, 57, 7-19.
- Lopez-Hernandez, F. J., & Lopez-Novoa, J. M. (2012). Role of TGF-beta in chronic kidney disease: an integration of tubular, glomerular and vascular effects. *Cell Tissue Res, 347*(1), 141-154.
- Ma, L., Naito, T., Han, J., & Fogo, A. (2005). Plasminogen activator inhibitor-1 (PAI-1) deficiency prevents the development of glomerulosclerosis in the subtotal nephrectomy (5/6 Nx) in the mouse. J Am Soc Nephrol, 16, 653A.
- Malgorzewicz, S., Skrzypczak-Jankun, E., & Jankun, J. (2013). Plasminogen activator inhibitor-1 in kidney pathology (Review). *Int J Mol Med*, *31*(3), 503-510.
- Meguid El Nahas, A., & Bello, A. K. (2005). Chronic kidney disease: the global challenge. *Lancet,* 365(9456), 331-340.
- Meng, X. M., Chung, A. C., & Lan, H. Y. (2013). Role of the TGF-beta/BMP-7/Smad pathways in renal diseases. *Clin Sci (Lond)*, 124(4), 243-254.
- Meng, X. M., Huang, X. R., Xiao, J., Chen, H. Y., Zhong, X., Chung, A. C., et al. (2012). Diverse roles of TGF-beta receptor II in renal fibrosis and inflammation in vivo and in vitro. J Pathol, 227(2), 175-188.
- Menzies, R. I., Unwin, R. J., Dash, R. K., Beard, D. A., Cowley, A. W., Jr., Carlson, B. E., et al. (2013). Effect of P2X4 and P2X7 receptor antagonism on the pressure diuresis relationship in rats. *Front Physiol*, 4, 305.
- Mihai, S., Codrici, E., Popescu, I. D., Enciu, A. M., Albulescu, L., Necula, L. G., et al. (2018). Inflammation-Related Mechanisms in Chronic Kidney Disease Prediction, Progression, and Outcome. J Immunol Res, 2018.
- Mitchell, S., Vargas, J., & Hoffmann, A. (2016). Signaling via the NFκB system. Wiley Interdiscip Rev Syst Biol Med, 8(3), 227-241.
- Moon, J. A., Kim, H. T., Cho, I. S., Sheen, Y. Y., & Kim, D. K. (2006). IN-1130, a novel transforming growth factor-beta type I receptor kinase (ALK5) inhibitor, suppresses renal fibrosis in obstructive nephropathy. *Kidney Int, 70*(7), 1234-1243.
- Morii, T., Fujita, H., Narita, T., Shimotomai, T., Fujishima, H., Yoshioka, N., et al. (2003). Association of monocyte chemoattractant protein-1 with renal tubular damage in diabetic nephropathy. *J Diabetes Complications, 17*(1), 11-15.
- Morikawa, M., Derynck, R., & Miyazono, K. (2016). TGF-β and the TGF-β Family: Context-Dependent Roles in Cell and Tissue Physiology. *Cold Spring Harb Perspect Biol, 8*(5).
- Murakami, K., Takemura, T., Hino, S., & Yoshioka, K. (1997). Urinary transforming growth factorbeta in patients with glomerular diseases. *Pediatr Nephrol*, *11*(3), 334-336.
- Nagamine, Y. (2008). Transcriptional regulation of the plasminogen activator inhibitor type 1--with an emphasis on negative regulation. *Thromb Haemost, 100*(6), 1007-1013.

- Newman, D. J., Thakkar, H., Edwards, R. G., Wilkie, M., White, T., Grubb, A. O., et al. (1995). Serum cystatin C measured by automated immunoassay: a more sensitive marker of changes in GFR than serum creatinine. *Kidney Int, 47*(1), 312-318.
- Nogueira, A., Pires, M. J., & Oliveira, P. A. (2017). Pathophysiological Mechanisms of Renal Fibrosis: A Review of Animal Models and Therapeutic Strategies. *In Vivo*, *31*(1), 1-22.
- North, R. A. (2002). Molecular physiology of P2X receptors. *Physiol Rev, 82*(4), 1013-1067.
- Oberhauser, V., Vonend, O., & Rump, L. C. (1999). Neuropeptide Y and ATP interact to control renovascular resistance in the rat. *J Am Soc Nephrol*, *10*(6), 1179-1185.
- Oda, T., Jung, Y. O., Kim, H. S., Cai, X., Lopez-Guisa, J. M., Ikeda, Y., et al. (2001). PAI-1 deficiency attenuates the fibrogenic response to ureteral obstruction. *Kidney Int, 60*(2), 587-596.
- Pelegrin, P., Barroso-Gutierrez, C., & Surprenant, A. (2008). P2X7 receptor differentially couples to distinct release pathways for IL-1beta in mouse macrophage. J Immunol, 180(11), 7147-7157.
- Pereira, J. M. S., Barreira, A. L., Gomes, C. R., Ornellas, F. M., Ornellas, D. S., Miranda, L. C., et al. (2020). Brilliant blue G, a P2X7 receptor antagonist, attenuates early phase of renal inflammation, interstitial fibrosis and is associated with renal cell proliferation in ureteral obstruction in rats. *BMC Nephrol*, 21(1), 206.
- Pippias, M., Stel, V. S., Abad Diez, J. M., Afentakis, N., Herrero-Calvo, J. A., Arias, M., et al. (2015). Renal replacement therapy in Europe: a summary of the 2012 ERA-EDTA Registry Annual Report. *Clin Kidney J*, 8(3), 248-261.
- Pollak, M. R., Quaggin, S. E., Hoenig, M. P., & Dworkin, L. D. (2014). The glomerulus: the sphere of influence. *Clin J Am Soc Nephrol, 9*(8), 1461-1469.
- Postlethwaite, A. E., Raghow, R., Stricklin, G. P., Poppleton, H., Seyer, J. M., & Kang, A. H. (1988).
 Modulation of fibroblast functions by interleukin 1: increased steady-state accumulation of type I procollagen messenger RNAs and stimulation of other functions but not chemotaxis by human recombinant interleukin 1 alpha and beta. *J Cell Biol, 106*(2), 311-318.
- Qian, Y., Qian, C., Xie, K., Fan, Q., Yan, Y., Lu, R., et al. (2021). P2X7 receptor signaling promotes inflammation in renal parenchymal cells suffering from ischemia-reperfusion injury. *Cell Death Dis*, *12*(1), 132.
- Qidwai, T., & Khan, M. Y. (2016). Impact of genetic variations in C-C chemokine receptors and ligands on infectious diseases. *Hum Immunol*.
- Ralevic, V., & Burnstock, G. (1998). Receptors for purines and pyrimidines. *Pharmacol Rev, 50*(3), 413-492.
- Ralevic, V., & Burnstock, G. (2003). Involvement of purinergic signaling in cardiovascular diseases. *Drug News Perspect, 16*(3), 133-140.
- Roberts, A. B. (1998). Molecular and cell biology of TGF-beta. *Miner Electrolyte Metab, 24*(2-3), 111-119.
- Samarakoon, R., Overstreet, J. M., Higgins, S. P., & Higgins, P. J. (2012). TGF-beta1 --> SMAD/p53/USF2 --> PAI-1 transcriptional axis in ureteral obstruction-induced renal fibrosis. *Cell Tissue Res*, 347(1), 117-128.
- Sanderson, N., Factor, V., Nagy, P., Kopp, J., Kondaiah, P., Wakefield, L., et al. (1995). Hepatic expression of mature transforming growth factor beta 1 in transgenic mice results in multiple tissue lesions. *Proc Natl Acad Sci U S A*, 92(7), 2572-2576.
- Sari, D. C. R., Putri, M. W., Leksono, T. P., Chairunnisa, N., Reynaldi, G. N., Simanjuntak, B. C., et al. (2020). Calcitriol Ameliorates Kidney Injury Through Reducing Podocytopathy, Tubular Injury, Inflammation and Fibrosis in 5/6 Subtotal Nephrectomy Model in Rats. *Kobe J Med Sci*, 65(5), E153-e163.
- Sato, Y., Takahashi, M., & Yanagita, M. (2020). Pathophysiology of AKI to CKD progression. *Semin Nephrol, 40*(2), 206-215.
- Schrier, R. W., & Schrier, R. (1997). Diseases of the kidney. 1 (1997).
- Seccia, T. M., Caroccia, B., & Calo, L. A. (2017). Hypertensive nephropathy. Moving from classic to emerging pathogenetic mechanisms. *J Hypertens*, *35*(2), 205-212.

Siegenthaler, W. (2006). Klinische Pathophysiologie : 239 Tabellen.

- Smeets, B., Kuppe, C., Sicking, E. M., Fuss, A., Jirak, P., van Kuppevelt, T. H., et al. (2011). Parietal epithelial cells participate in the formation of sclerotic lesions in focal segmental glomerulosclerosis. J Am Soc Nephrol, 22(7), 1262-1274.
- Solini, A., Iacobini, C., Ricci, C., Chiozzi, P., Amadio, L., Pricci, F., et al. (2005). Purinergic modulation of mesangial extracellular matrix production: role in diabetic and other glomerular diseases. *Kidney Int, 67*(3), 875-885.
- Solle, M., Labasi, J., Perregaux, D. G., Stam, E., Petrushova, N., Koller, B. H., et al. (2001). Altered cytokine production in mice lacking P2X(7) receptors. *J Biol Chem*, *276*(1), 125-132.
- Song, C. Y., Kim, B. C., Hong, H. K., & Lee, H. S. (2005). Oxidized LDL activates PAI-1 transcription through autocrine activation of TGF-beta signaling in mesangial cells. *Kidney Int, 67*(5), 1743-1752.
- Song, S., Meyer, M., Turk, T. R., Wilde, B., Feldkamp, T., Assert, R., et al. (2009). Serum cystatin C in mouse models: a reliable and precise marker for renal function and superior to serum creatinine. *Nephrol Dial Transplant*, 24(4), 1157-1161.
- Sun, Y. B., Qu, X., Caruana, G., & Li, J. (2016). The origin of renal fibroblasts/myofibroblasts and the signals that trigger fibrosis. *Differentiation*.
- Surprenant, A., Rassendren, F., Kawashima, E., North, R. A., & Buell, G. (1996). The cytolytic P2Z receptor for extracellular ATP identified as a P2X receptor (P2X7). *Science*, 272(5262), 735-738.
- Szrejder, M., Rogacka, D., & Piwkowska, A. (2021). Purinergic P2 receptors: Involvement and therapeutic implications in diabetes-related glomerular injury. Arch Biochem Biophys, 714, 109078.
- Takeuchi, O., & Akira, S. (2010). Pattern recognition receptors and inflammation. *Cell, 140*(6), 805-820.
- Timoshanko, J. R., Kitching, A. R., Iwakura, Y., Holdsworth, S. R., & Tipping, P. G. (2004). Contributions of IL-1beta and IL-1alpha to crescentic glomerulonephritis in mice. J Am Soc Nephrol, 15(4), 910-918.
- Turin, T. C., Coresh, J., Tonelli, M., Stevens, P. E., de Jong, P. E., Farmer, C. K., et al. (2012a). Oneyear change in kidney function is associated with an increased mortality risk. Am J Nephrol, 36(1), 41-49.
- Turin, T. C., Coresh, J., Tonelli, M., Stevens, P. E., de Jong, P. E., Farmer, C. K., et al. (2012b). Shortterm change in kidney function and risk of end-stage renal disease. *Nephrol Dial Transplant*, 27(10), 3835-3843.
- Turin, T. C., Coresh, J., Tonelli, M., Stevens, P. E., de Jong, P. E., Farmer, C. K., et al. (2013). Change in the estimated glomerular filtration rate over time and risk of all-cause mortality. *Kidney Int*, 83(4), 684-691.
- Turner, C. M., Tam, F. W., Lai, P. C., Tarzi, R. M., Burnstock, G., Pusey, C. D., et al. (2007). Increased expression of the pro-apoptotic ATP-sensitive P2X7 receptor in experimental and human glomerulonephritis. *Nephrol Dial Transplant*, 22(2), 386-395.
- Turner, C. M., Vonend, O., Chan, C., Burnstock, G., & Unwin, R. J. (2003). The pattern of distribution of selected ATP-sensitive P2 receptor subtypes in normal rat kidney: an immunohistological study. *Cells Tissues Organs*, 175(2), 105-117.
- Umetsu, H., Watanabe, S., Imaizumi, T., Aizawa, T., Tsugawa, K., Kawaguchi, S., et al. (2021). Interleukin-6 via Toll-Like Receptor 3 Signaling Attenuates the Expression of Proinflammatory Chemokines in Human Podocytes. *Kidney Blood Press Res, 46*(2), 207-218.
- Verhave, J. C., Gansevoort, R. T., Hillege, H. L., Bakker, S. J., De Zeeuw, D., & de Jong, P. E. (2004). An elevated urinary albumin excretion predicts de novo development of renal function impairment in the general population. *Kidney Int Suppl*(92), S18-21.
- Vonend, O., Oberhauser, V., von Kugelgen, I., Apel, T. W., Amann, K., Ritz, E., et al. (2002). ATP release in human kidney cortex and its mitogenic effects in visceral glomerular epithelial cells. *Kidney Int*, 61(5), 1617-1626.

- Vonend, O., Turner, C. M., Chan, C. M., Loesch, A., Dell'Anna, G. C., Srai, K. S., et al. (2004). Glomerular expression of the ATP-sensitive P2X receptor in diabetic and hypertensive rat models. *Kidney Int*, 66(1), 157-166.
- Wang, J., Wen, Y., Lv, L. L., Liu, H., Tang, R. N., Ma, K. L., et al. (2015). Involvement of endoplasmic reticulum stress in angiotensin II-induced NLRP3 inflammasome activation in human renal proximal tubular cells in vitro. Acta Pharmacol Sin, 36(7), 821-830.
- Wang, W., Koka, V., & Lan, H. Y. (2005). Transforming growth factor-beta and Smad signalling in kidney diseases. *Nephrology (Carlton), 10*(1), 48-56.
- Wang, Y., Wang, Y. P., Zheng, G., Lee, V. W., Ouyang, L., Chang, D. H., et al. (2007). Ex vivo programmed macrophages ameliorate experimental chronic inflammatory renal disease. *Kidney Int*, *72*(3), 290-299.
- Weiner, D. E. (2007). Causes and consequences of chronic kidney disease: implications for managed health care. *J Manag Care Pharm*, *13*(3 Suppl), S1-9.
- Wu, C. F., Chiang, W. C., Lai, C. F., Chang, F. C., Chen, Y. T., Chou, Y. H., et al. (2013). Transforming growth factor beta-1 stimulates profibrotic epithelial signaling to activate pericytemyofibroblast transition in obstructive kidney fibrosis. Am J Pathol, 182(1), 118-131.
- Yamamoto, T., Noble, N. A., Cohen, A. H., Nast, C. C., Hishida, A., Gold, L. I., et al. (1996). Expression of transforming growth factor-beta isoforms in human glomerular diseases. *Kidney Int*, 49(2), 461-469.
- Zhang, C., Boini, K. M., Xia, M., Abais, J. M., Li, X., Liu, Q., et al. (2012). Activation of Nod-like receptor protein 3 inflammasomes turns on podocyte injury and glomerular sclerosis in hyperhomocysteinemia. *Hypertension*, 60(1), 154-162.
- Zhang, Y., & Kompa, A. R. (2014). A practical guide to subtotal nephrectomy in the rat with subsequent methodology for assessing renal and cardiac function. *Nephrology (Carlton)*, 19(9), 552-561.