

# INHALTSVERZEICHNIS

|           |   |          |
|-----------|---|----------|
| <b>1.</b> | <b>EINLEITUNG.....</b>  | <b>1</b> |
| 1.1.      | Viren .....   | 1        |
| 1.2.      | Parvoviren.....   | 2        |
| 1.2.1.    | Morphologie und Eigenschaften .....   | 2        |
| 1.2.2.    | Systematik .....  | 2        |
| 1.3.      | Adeno-assoziierte Viren .....   | 3        |
| 1.3.1.    | Vorkommen und Risikobewertung .....   | 3        |
| 1.3.2.    | Lebenszyklus .....  | 4        |
| 1.3.3.    | Genomstruktur.....  | 6        |
| 1.3.4.    | Transkription .....   | 8        |
| 1.3.5.1.  | Regulatorische Elemente.....  | 8        |
| 1.3.5.2.  | Transkription während latenter Infektion.....   | 9        |
| 1.3.5.3.  | Transkription während produktiver Infektion.....  | 9        |
| 1.3.6.    | Helferfunktionen .....  | 10       |
| 1.3.7.    | DNA Replikation .....   | 12       |
| 1.3.7.1.  | Elemente des AAV-Replikationsursprungs und deren Funktion .....                             | 14       |
| 1.3.8.    | Latenz und ortspezifische Integration .....   | 16       |
| 1.3.8.1.  | Elemente im Chromosom 19.....   | 16       |
| 1.3.8.2.  | Elemente von AAV .....  | 17       |
| 1.3.8.3.  | Rolle von Rep.....  | 17       |
| 1.3.8.4.  | Ortspezifische Integration von rAAV .....   | 18       |
| 1.3.8.5.  | Integrationsmodell.....   | 19       |
| 1.3.9.    | Veränderungen der biologischen Eigenschaften der Wirtszellen .....                          | 23       |
| 1.3.10.   | Effekte einer AAV-Infektion auf heterologe Virusreplikation und heterologe Promotoren ..... | 23       |
| 1.3.11.   | Tumorprotektive Wirkung von AAV .....   | 24       |
| 1.3.12.   | AAV als Gentherapievektor .....   | 25       |
| 1.4.      | Quantitative PCR .....  | 28       |
| 1.4.1.    | Grundlagen der Quantifizierung.....   | 28       |
| 1.4.1.1.  | Methoden der Quantifizierung .....  | 28       |
| 1.4.1.2.  | Endpunktanalyse .....   | 28       |
| 1.4.1.3.  | Prinzipien der kinetischen Quantifizierung.....   | 29       |
| 1.4.2.    | Das LightCycler PCR Analysesystem .....   | 30       |
| 1.4.2.1.  | Das LightCycler Instrument .....  | 30       |
| 1.4.2.2.  | Detektionsformate .....   | 30       |
| 1.4.2.3.  | Standardkurve und Quantifizierung mit der LightCycler Software .....                        | 32       |
| 1.5.      | Zielsetzung.....  | 33       |

|           |  |           |
|-----------|--|-----------|
| <b>2.</b> | <b>MATERIAL .....</b>  | <b>34</b> |
| 2.1.      | Geräte.....  | 34        |
| 2.2.      | Chemikalien, Lösungen und Puffer .....   | 34        |
| 2.3.      | Enzyme .....   | 35        |
| 2.4.      | Fertige Reaktionssysteme (Kits).....   | 35        |
| 2.5.      | Oligonukleotide .....  | 36        |
| 2.6.      | Plasmide.....  | 37        |
| 2.8.      | Bakterienstämme .....  | 38        |
| 2.9.      | Zelllinien.....  | 38        |
| 2.10.     | Viren .....  | 38        |
| 2.11.     | Computerprogramme .....  | 39        |
| <b>3.</b> | <b>METHODEN.....</b>   | <b>40</b> |
| 3.1.      | Zellbiologische Methoden .....   | 40        |
| 3.1.1.    | Zellkultivierung.....  | 40        |
| 3.1.2.    | Herstellung von Adenovirus Stocks .....  | 40        |
| 3.1.3.    | Bestimmung des Titers infektiöser Adenoviren.....                                      | 40        |
| 3.1.4.    | Präparation von AAV-2 Stocks und rAAV Vektorstocks.....                                | 41        |
| 3.1.5.    | Aufreinigung der Virusstocks .....   | 42        |
| 3.1.5.1.  | Benzonasebehandlung.....   | 42        |
| 3.1.5.2.  | Iodixanol-Dichtegradient .....   | 42        |
| 3.1.5.3.  | Heparin-Affinitätschromatographie .....  | 43        |
| 3.1.5.4.  | Dialyse.....   | 44        |
| 3.1.6.    | Titration von AAV- und rAAV-Stocks .....   | 44        |
| 3.1.7.    | Infektion von Zellen mit AAV-2.....  | 45        |
| 3.2.      | Molekularbiologische Methoden .....  | 46        |
| 3.2.1.    | Modifikation und Rekombination von DNA .....   | 46        |
| 3.2.2.    | Isolierung genomicscher DNA aus eukaryontischen Zellen.....                            | 46        |
| 3.2.3.    | Isolierung von DNA aus Virusstocks.....  | 47        |
| 3.2.4.    | Vorbereitung der DNA für die PCR.....  | 47        |
| 3.2.4.1.  | Restriktionsverdau.....  | 47        |
| 3.2.4.2.  | RNase Verdau .....   | 47        |
| 3.2.4.5.  | Reinigung .....  | 48        |
| 3.2.5.    | Nested PCR-Assay .....   | 48        |
| 3.2.6.    | Southern Blot .....  | 49        |
| 3.2.7.    | Nicht-radioaktive Markierung von DNA .....   | 49        |
| 3.2.8.    | Hybridisierung von DNA auf Nylonmembranen .....  | 49        |
| 3.2.9.    | Real time PCR-Assay zum Nachweis ortspezifischer Integration .....                     | 50        |
| 3.2.9.1.  | Nachweis der Fusionssequenzen von Chromosom 19 mit der cap-nahen<br>(rechten) ITR..... | 51        |
| 3.2.9.2.  | Nachweis der Fusionssequenzen von Chromosom 19 mit der rep-nahen<br>(linken) ITR.....  | 53        |
| 3.2.10.   | Klonierung der PCR Produkte.....   | 53        |
| 3.2.11.   | Analyse der PCR Produkte.....  | 54        |

|   |           |
|---|-----------|
| 3.2.12. Kontrolle der Effizienz des Benzonaseverdauschrittes bei der Reinigung von Virusstocks .....                      | 55        |
| <b>4. ERGEBNISSE.....</b>   | <b>56</b> |
| 4.1. Kinetik und Frequenz der ortspezifischen Integration von AAV-2 in Chromosom 19.....                                  | 56        |
| 4.1.1. Detektion von Fusionssequenzen von Chromosom 19 mit der <i>cap</i> -nahen (rechten) AAV-ITR .....                  | 56        |
| 4.1.1.1. Etablierung eines sensitiven, quantitativen real time PCR-Assays.....  | 56        |
| 4.1.1.2. Kinetik der Integration von AAV in Chr. 19-AAVS1 .....   | 60        |
| 4.1.1.3. Analyse der PCR Produkte.....  | 61        |
| 4.1.1.4. Vergleich der Amplifikationseffizienzen von Standard und Proben unterschiedlicher Fragmentlänge .....            | 64        |
| 4.1.2. Detektion von Fusionssequenzen von Chromosom 19 mit der <i>rep</i> -nahen (linken) AAV-terminalen Repetition ..... | 66        |
| 4.1.2.1. Etablierung eines sensitiven, quantitativen real time PCR-Assays.....  | 66        |
| 4.1.2.2. Kinetik der Integration von AAV mit der anderen Orientierung bezüglich AAVS1 .....                               | 69        |
| 4.1.2.3. Sequenzanalyse der PCR-Produkte.....   | 70        |
| 4.1.3. Integrationsfrequenz pro Zelle .....   | 72        |
| 4.1.4. Integrationsfrequenz in Abhängigkeit der Multiplizität der Infektion (MOI).....                                    | 73        |
| 4.1.5. Ortspezifische Integration von Vektorplasmiden und rAAV-Vektoren .....   | 75        |
| 4.2. Verpackung von Chromosom 19-Integrationsstellen in AAV-Virionen während der Virusproduktion.....                     | 78        |
| 4.2.1. Nachweis von ITR/AAVS1-Fusionssequenzen in verschiedenen Proben durch PCR-Analyse .....                            | 78        |
| 4.2.2. Sequenzanalyse der ITR/AAVS1-Fusionssequenzen .....  | 79        |
| 4.2.3. Demonstration der Effizienz des Benzonaseschrittes während der Virusreinigung                                      | 81        |
| 4.2.4. Detektion von ITR/AAVS1-Fusionssequenzen in verschiedenen AAV-Wildtyp- und rAAV-Vektorpräparationen .....          | 83        |
| <b>5. DISKUSSION.....</b>   | <b>85</b> |
| 5.1. Charakterisierung der ortspezifischen Integration von AAV-2 in das humane Chromosom 19.....                          | 85        |
| 5.1.1. Kinetik der ortspezifischen Integration von AAV-2 .....  | 85        |
| 5.1.2. Chromosom 19-Integrationsorte nichtselektierter Zellen, Zelllinien und episomal EBV-Plasmid tragender Zellen ..... | 87        |
| 5.1.3. Vergleich der Ergebnisse des linke ITR-spezifischen und rechte ITR-spezifischen Assays .....                       | 89        |
| 5.1.4. Integrationsfrequenz pro Zelle und pro infektiöser Einheit .....   | 90        |
| 5.1.5. Integration von AAV-Vektoren .....   | 92        |
| 5.1.6. Anwendungsmöglichkeiten der real time PCR-Assays und Ausblick .....  | 95        |

|           |   |            |
|-----------|---|------------|
| 5.2.      | Verpackung von humanen Chr.19-Sequenzen in AAV-Virionen während der Virusproduktion .....   | 97         |
| 5.2.1.    | Vergleich der unter permissiven Bedingungen generierten Fusionssequenzen mit in Abwesenheit von Helfervirus generierten Fusionssequenzen..... | 97         |
| 5.2.2.    | Modell der ortspezifischen Integration .....  | 97         |
| 5.2.3.    | Möglicher Mechanismus der Generierung von Fusionssequenzen während einer produktiven Infektion.....   | 99         |
| 5.2.4.    | Konsequenzen für die Gentherapie und für die rAAV-Vektorproduktion.....   | 101        |
| <b>6.</b> | <b>LITERATURVERZEICHNIS.....</b>  | <b>102</b> |
| <b>7.</b> | <b>ANHANG.....</b>  | <b>115</b> |
| 7.1.      | Zusammenfassung .....   | 115        |
| 7.2.      | Summary .....   | 117        |
| 7.3.      | Lebenslauf.....   | 119        |
| 7.4.      | Publikationen, Poster, Vorträge .....   | 120        |
| 7.4.1.    | Publikationen.....  | 120        |
| 7.4.2.    | Poster und Abstracts.....   | 120        |
| 7.4.3.    | Vorträge.....   | 121        |
| 7.5.      | Danksagung .....  | 122        |