

2 Zielsetzung

Wie aus der Literaturübersicht hervorgeht, existieren zum EHV-2-IL-10 bisher nur wenige Untersuchungen. Die ausgeprägte Ähnlichkeit seiner AS-Sequenz mit anderen bekannten vIL-10- und cIL-10-Proteinen sowie die Eigenschaft von EHV-2 eine Latenz in equinen PBMC zu etablieren, lässt jedoch eine mögliche Rolle bei verschiedenen Stadien der EHV-2-Infektion vermuten.

Daher sollten im Rahmen der vorliegenden Dissertation einige grundlegende Aspekte zur Bedeutung des EHV-2-IL-10 bearbeitet werden.

Zunächst sollte die Expression des EHV-2-IL-10-Gens *in vitro* aufgeklärt werden. Da für andere vIL-10-Gene gezeigt werden konnte, dass ihre Transkripte während der lytischen Infektion *in vitro* nachweisbar sind, war die Untersuchung der Expression des EHV-2-IL-10 in experimentell infizierten Zellkulturen naheliegend. Dabei sollte das zeitliche Auftreten EHV-2-IL-10-spezifischer Transkripte näher charakterisiert werden, um ihre Einordnung in die Genexpressionskaskade von EHV-2 zu ermöglichen.

Um einen Beitrag zur Aufklärung der Bedeutung des EHV-2-IL-10 für die Infektion in seinem natürlichen Wirt zu leisten, sollte die Expression des EHV-2-IL-10 außerdem in den PBMC natürlich infizierter Pferde untersucht werden. Zur gleichzeitigen Feststellung des EHV-2-Infektionsstatus der untersuchten Pferde, wurden diese serologisch auf EHV-2-spezifische Antikörper und ihre PBMC mit einer EHV-2-spezifischen PCR untersucht. Parallel sollte außerdem eine Differenzierung zwischen einer latenten und einer akuten Infektion in den untersuchten PBMC vorgenommen werden. Durch die Anwendung der Gardella-Gel-Technik sollte außerdem die Genomkonformation von EHV-2 in diesen Zellen ermittelt werden, was ebenfalls Aussagen über den Infektionsstatus zulässt.

Ein weiterer Schwerpunkt dieser Arbeit sollte auf vergleichende Untersuchungen der Primärstruktur des EHV-2-IL-10 gesetzt werden.

Unter Verwendung der bisher bekannten EHV-2-IL-10-Sequenzen wurden zwar bereits einige mögliche Eigenschaften des EHV-2-IL-10 diskutiert, neuere Erkenntnisse zur Bedeutung verschiedener AS-Sequenzabschnitte für die Funktionalität der vIL-10- und cIL-10-Proteine konnten dabei jedoch nicht berücksichtigt werden. Außerdem liegen bisher keine Untersuchungen zur Homologie und Phylogenese des EHV-2-IL-10 und des IL-10 des Pferdes vor. In Kooperation mit Nick Davis-Poynter (Animal Health Trust, UK) sollten die IL-10-Gene verschiedener EHV-2-Isolate aus der Arbeit von Kershaw et al. (2001) sequenziert und die AS-Sequenzen untereinander und mit bekannten EHV-2-IL-10-

Sequenzen sowie mit der IL-10-Sequenz des Pferdes und anderer vIL-10- und cIL-10-Gene verglichen werden.

Anhand der Ergebnisse der genannten Untersuchungen sollten neue Erkenntnisse zur Rolle des EHV-2-IL-10 bei der Latenz bzw. der Pathogenese von EHV-2 erarbeitet und der Einsatz des EHV-2-IL-10 als diagnostischen Marker für die EHV-2-Infektion beurteilt werden.