# 4.1 Histologische Charakterisierung des Mausmodells

# 4.1.1 Verifizieren des THP-Knockout Modells

Alle Versuchstiere wurden genotypisiert und somit als homozygote THP-/- oder Wildtyptiere verifiziert. Mit Hilfe von Immunohistochemie, Western blot, RT-PCR und In-situ-Hybridisierung wurde festgestellt, dass bei den im Rahmen dieser Arbeit eingesetzten THP-/- Mäusen weder THP-mRNS noch THP exprimiert wird. Wildtyptiere zeigten dabei das übliche THP-Expressionsmuster (Abb. 9).

# 4.1.2 Ultrastrukturelle Untersuchung der THP-/- vs. wt Mäuse

Bei der Licht- und elektronenmikroskopischen Untersuchung der THP-/-Nierenschnitte konnten in den Glomeruli und im renalen Tubulussystem keine morphologischen Änderungen detektiert werden. Die TAL-Zellen (Ort der THP-Synthese) wiesen einen morphologisch unveränderten Aufbau auf mit typischen Membraninterdigitationen gut basolateralen und einem entwickelten subapikalen vesikulären Kompartiment (Abb. 10). Bei wt Mäusen ließ sich mit Hilfe der immunelektronenmikroskopie ein positives Signal für THP im subapikalen vesikulären Kompartiment, in der apikalen Membran, in den exozytotischen Vesikeln sowie in geringerem Ausmaß in der basolateralen Membran detektieren. Die THP-/- Mäuse wiesen keine THP-Expression auf. Die elektronenmikroskopische Untersuchung des Urothels der THP-/- Mäuse lieferte keine Zeichen inflammatorischer Prozesse (Abb. 10).

47



Abbildung 9. Nachweis der kompletten THP-Geninaktivierung im untersuchten Mausmodel. THP-/- Mäuse (rechts) weisen weder ein positives Signal für THP-mRNS (in-situ Hybridisierung – a und RT-PCR – c, noch für das THP (Immunohistochemie – b und Western Blot – d) auf. Im Gegensatz dazu zeigten wt Mäuse (links) eine intensive THP-mRNS (a, c) sowie THP (b, d) Expression.



Abbildung 10. Ultrastrukturelle Auswertung der THP-/- vs. wt Mäuse. Bei der intrazellulären Lokalisation von THP mittels Immunelektronenmikroskopie wird THP bei wt Mäusen vorwiegend im apikalen vesikulären Anteil und in den exozytotischen Vesikeln detektiert. Ein schwächeres Signal findet sich in der basolateralen Membran (a). THP-/- Mäuse zeigen kein positives Signal für THP (b). In der elektronenmikroskopischen Untersuchung konnten weder morphologische Änderungen im TAL (c und d) noch Zeichen der Inflammation im Urothel (e und f) gefunden werden.

## 4.2 Physiologische Untersuchung der THP-/- vs. wt Mäuse

## 4.2.1 Kontrollzustand

Es wurden zwei Gruppen von je 8 Mäusen (THP-/- vs. wt) verglichen. Im Kontrollzeitraum hatten die Mäuse Wasser und Futter ad libitum. 24h-Urin wurde während des Aufenthaltes der Tiere in Stoffwechselkäfigen gesammelt. Urinmenge, Osmolalität, Natrium, Kalium, Chlor, Kreatinin und Harnsäure des Urins sowie die Trinkmenge wurden bestimmt. Alle Werte (mit Ausnahme der Osmolalität) wurden pro Gramm Körpergewichtes pro 24 Stunden berechnet. Unter Normalbedingungen ergaben sich keine statistisch signifikanten Unterschiede in den oben aufgelisteten Urinparametern zwischen beiden Gruppen (Tabelle 3.A, Abb. 11).

### 4.2.2 Durstversuch

Es wurden dieselben zwei Gruppen von je 8 Tieren (THP-/- vs. wt) auf die oben genannten Urinparameter untersucht. Im 24h-Durstversuch zeigten die wt Mäuse eine Reduktion der Urinmenge auf 47,8%. Die osmolare Ausscheidung war bei wt Mäusen auf 68% signifikant reduziert. Drei von acht wt Mäusen schieden keine messbaren Urinmengen aus und wurden daher aus der weiteren Analyse ausgeschlossen. Die THP-/- Tiere zeigten ebenfalls eine Verminderung der Urinmenge, aber in geringerem Ausmaß, als die wt Mäuse (72,3% der Kontrollwerte). Sie zeigten keine signifikante Verminderung der osmolaren Ausscheidung. Statistisch signifikante Unterschiede zwischen beiden Gruppen traten in den Urinmengen im 24-stündigen Durstversuch auf (41,3 μl'g KG<sup>-1</sup>24h<sup>-1</sup> bei THP-/- vs. 27,6 μl·g KG<sup>-1</sup>24h<sup>-1</sup> bei wt, p<0,05). Die durchschnittlichen Werte der Urinparameter sind in Tabelle 3.A aufgelistet sowie in Abbildung 11 dargestellt. THP-/- Mäuse zeigten im 24h Durstversuch eine geringere Harnkonzentrierungsfähigkeit als wt Mäuse.

### 4.2.3 Volumenbelastung

Die Versuchstiere wurden zum intensiven Trinken stimuliert, indem den Mäusen anstatt Leitungswasser eine 300 mMol Sucroselösung angeboten wurde. Die Trinkmenge erhöhte sich dabei erwartungsgemäß um das ca. dreifache des

50

Kontrollzustandes. Der Vergleich der Urinmenge, der osmolaren Ausscheidung, der Natriumausscheidung sowie aller anderen Urinparameter während Volumenbelastung ergab keine signifikanten Unterschiede zwischen den wt und THP-/- Gruppen (Tabelle 3.B, Abb. 11).

Tabelle 3. Charakterisierung der physiologischen Nierenfunktion (THP-/- vs. wt): A – Physiologische Urinparameter bei Wasser und Futter ad libitum (Ad libitum) vs. Durstversuch bei dem freien Zugang zum Futter (**Durstversuch**); **B** – Urinparameter bei Volumenbelastung; **C** – Creatinin-Clearance und PRA unter Kontrollbedingungen. Es sind durchschnittliche Werte  $\pm$  SEMs angegeben. 24h-Sammelzeit für alle Urinparameter.

KG – Körpergewicht, NG – Nierengewicht.

§, p<0.05 innerhalb der Gruppe (Ad libitum vs. Durstversuch).

\*, p<0.05 zwischen den Gruppen (wt gegen THP-/-).

# Α

|  | wt (n=8)   |             | THP-/- (n=8) |              |
|--|------------|-------------|--------------|--------------|
|  | Ad libitum | Durstveruch | Ad libitum   | Durstversuch |
| Trinkmenge (Wasser), µl g KG 124h 1  | 134±21     | _           | 157±47       | _            |
| Urinmenge, µl g KG <sup>-1</sup> 24h <sup>-1</sup>                           | 57,8±9,3   | 27,6±3,8 §  | 57,1±3,8     | 41,3±4,8§ *  |
| Urin Osmolalität, mOsmol/kg H <sub>2</sub> O                                 | 2560±122   | 3016±160    | 2635±139     | 2857±83      |
| Osm. Ausscheidung, µosmol <sup>-</sup> g KG <sup>-1</sup> 24h <sup>-1</sup>  | 159±14     | 108±8 §     | 151±13       | 119±16       |
| Natriumausscheidung, µmol <sup>-</sup> g KG <sup>-1</sup> 24h <sup>-1</sup>  | 9,3±0,8    | 7,1±0,6     | 9,1±1,0      | 8,9±1,0      |
| Chloridausscheidung, µmol <sup>·</sup> g KG <sup>-1</sup> 24h <sup>-1</sup>  | 15,1±1,2   | 11,5±1,6    | 14,8±1,8     | 14,4±1,9     |
| Kaliumausscheidung, µmol <sup>·</sup> g KG <sup>-1</sup> 24h <sup>-1</sup>   | 46,9±3,2   | 46,8±7,0    | 47,3±4,5     | 46,1±6,5     |
| Creatininauscheidung, nmol <sup>-</sup> g KG <sup>-1</sup> 24h <sup>-1</sup> | 196±12     | 124±16 §    | 215±13       | 179±18*      |
| Harnsäureauscheidung, nmol g KG <sup>-1</sup> 24h <sup>-1</sup>              | 54±6       | 37±6 §      | 49±5         | 43±8         |

### В

|   | wt (n=5) | THP-/- (n=8) |
|---|----------|--------------|
| Trinkmenge (Sucroselösung), μl g KG <sup>-1</sup> 24h <sup>-1</sup>             | 426±41   | 353±106      |
| Urinmenge, μl g KG <sup>-1</sup> 24h <sup>-1</sup>                              | 181±37   | 163±71       |
| Osmolare Ausscheidung, µosmol <sup>·</sup> g KG <sup>-1</sup> 24h <sup>-1</sup> | 108±9    | 92±5         |
| Natriumauscheidung, µmol <sup>·</sup> g KG <sup>-1</sup> 24h <sup>-1</sup>      | 7.8±0.3  | 6.3±0.7      |
| Chloridausscheidung, µmol <sup>-</sup> g KG <sup>-1</sup> 24h <sup>-1</sup>     | 8.3±1.0  | 5.5±0.9      |
| Kaliumausscheidung, µmol <sup>-</sup> g KG <sup>-1</sup> 24h <sup>-1</sup>      | 30±4     | 32±10        |
| Creatininausscheidung, nmol <sup>-</sup> g KG <sup>-1</sup> 24h <sup>-1</sup>   | 1.7±0.1  | 1.6±0.1      |
| Harnsäureausscheidung, nmol <sup>-</sup> g KG <sup>-1</sup> 24h <sup>-1</sup>   | 27±3     | 26±3         |

С

|  | wt (n=5)  | THP-/- (n=6) |
|--|-----------|--------------|
| Plasma-Creatinin, µmol/l   | 9,00±3,18 | 16,00±3,15   |
| Urin-Creatinin, µmol/24h   | 5,48±0,68 | 4,27±0,59    |
| Gesamtes Nierengewicht, mg   | 348±9     | 310±8        |
| Creatinin-Clearance, ml <sup>-</sup> 24h <sup>-1</sup> mg NG <sup>-1</sup> | 2,70±0,63 | 1,00±0,24*   |
| PRA, ANG I-ml <sup>-1.</sup> h <sup>-1</sup>                               | 16,2±3,1  | 11,8±3,4     |

### 4.2.4 Creatinin-Clearance

Die Creatinin-Werte im 24h-Urin zeigten keine statistisch signifikanten Unterschiede zwischen den THP-/- und den wt Mäusen, jedoch eine tendenzielle Verminderung in der THP-/- Gruppe. Die Plasma-Creatininwerte der THP-/- Mäuse zeigten tendenziell einen Anstieg im Vergleich zu den wt Tieren, der allerdings statistisch nicht signifikant war. Die Nierengewichte zeigten keine signifikanten Unterschiede zwischen beiden Gruppen. Die Berechnung der Creatinin-Clearance pro einem mg Nierengewicht ergab einen statistisch signifikanten Unterschied zwischen beiden Gruppen. Die THP-/- Mäuse zeigten einen Abfall der Creatinin-Clearance auf 37 % des gesunden Ausgangswertes (Tabelle 3C).

## 4.2.5 Reninaktivität im Plasma

Die Bestimmung der Reninaktivität im Plasma (PRA) ergab keine signifikanten Unterschiede zwischen den THP-/- und wt Gruppen. Es zeigte sich allerdings der Hinweis einer verminderten PRA bei den THP-/- Mäusen (Tabelle 3C).

## 4.3 Expression der lonentransporter unter Kontrollbedingungen

### 4.3.1 RT-PCR

Mit Hilfe der RT-PCR wurde die mRNS-Expression von relevanten Ionentransportproteinen in der Niere von THP-/- (n=6) relativ zu der von wt Mäusen (n=6) unter Kontrollbedingungen charakterisiert. Es konnte eine Steigerung der mRNS-Expression von distalen Ionentransportern bei den THP-/- im Vergleich zu den wt Tieren nachgewiesen werden. Das Housekeeping-Gen (GAPDH) sowie proximal-tubuläre Genprodukte (NaPi-IIa und NKAb) zeigten keine Unterschiede der mRNS-Expression zwischen den Gruppen. THP-/- Mäuse

52

exprimierten keine THP-mRNS, während bei den Kontrolltieren ein intensives Signal für die THP-mRNS detektiert wurde. Die Ergebnisse der RT-PCR sind in der Tabelle 4 sowie in Abbildungen 12 und 13 zusammengefaßt.



Abbildung 11. Auswertung des physiologischen Wasser- und Elektrolythaushaltes: Trinkmenge (a), Urinmenge (b), osmolare Ausscheidung (c) und Natriumausscheidung (d) unter Normalbedingungen (Ad libitum), im Durstversuch (Durstversuch) sowie unter Volumenbelastung (Sucrose).

§, p<0,05 innerhalb der Gruppe (Ad libitum vs. Durstversuch).

\*, p<0,05 zwischen den Gruppen (wt gegen THP-/-).

## 4.3.2 Western blot

Um die translationale Regulation der Ionentransporter unter Kontrollbedingungen bei THP-/- Mäusen zu charakterisieren, wurden Nierenhomogenate von 6 wt und 6 THP-/- Mäusen für die Western blot Analyse

eingesetzt. Die densitometrische Auswertung zeigte eine signifikante Steigerung der Expression von distalen Ionentransportern bei den THP-/-Mäusen im Vergleich zu den Kontrolltieren. Die Expression der proximaltubulären Proteine (NaPi-IIa und AQP1) sowie des Housekeeping-Gens (b-Actin) war bei den THP-/- Mäusen unverändert. Es konnte kein THP bei den THP-/- Mäusen nachgewiesen werden, während die Kontrolltiere ein intensives Signal für THP aufwiesen. Die Ergebnisse des Western blots sind in Tabelle 4 sowie in den Abbildungen 12 und 14 zusammengefaßt.

**Tabele 4.** Expression der distalen Ionentransportproteine, proximal-tubulärer Genprodukte sowie der parakrinen Parameter des JGA bei den THP-/- vs. wt Mäusen auf mRNS- und Proteinebene. Die bei den wt Mäusen densitometrisch bestimmten Expressionsraten der Genprodukte sind als 100% gesetzt. Die Expressionsraten bei den THP-/- Mäusen werden im Prozentsatz relativ der Expressionsraten bei den wt Mäusen ausgedrückt.

n.s. - Keine statistisch signifikanten Unterschiede

-, der Parameter wurde nicht untersucht

| Produkt | RT-PCR | Western blot |
|---------|--------|--------------|
| NaPi    | n.s.   | n.s.         |
| AQP1    | -      | n.s.         |
| NKAa    | +36%   | +40%         |
| NKAb    | n.s.   | -            |
| NKCC2   | +33%   | +60%         |
| NHE3    | +83%   | +72%         |
| Barttin | +180%  | +29%         |
| CLC-K2  | +150%  | -            |
| ROMK    | +260%  | +82%         |
| COX-2   | -51%   | -54%         |
| Renin   | n.s.   | n.s.         |
| NCC     | +290%  | +30%         |
| ENaCa   | +80%   | -            |
| GAPDH   | n.s.   | -            |
| b-Actin | -      | n.s.         |



Abbildung 12. Expressionsprofil der proximalen und distalen Transportproteine sowie der JGA Regelparameter mit RT-PCR (a) und Western blot (b) analysiert. Die punktierte Linie zeigt die Expression bei den wt Mäusen (Kontrollebene, 100%). Die blauen Säulen zeigen die relativen Expressionsraten bei den THP-/- Mäusen im Prozentsatz. Auf dem Nephronschema (links) ist die Lokalisation der untersuchten distalen Genprodukte in den entsprechenden Nephronsegmenten mit Farben markiert: TAL für NHE3, NKCC2, ROMK, CLC-K2 sowie Barttin (rot) und die sich distal anschließenden Segmente (DCT, CNT und CD) für NCC sowie ENaCa (grün).



Abbildung 13. Ergebnisse der RT-PCR. RT-PCR Produkte in einem 1%igen Agarosegel elektrophoretisch aufgetrennt, mit Ethidiumbromid gefärbt und unter UV-Licht sichtbar gemacht. Signale wurden densitometrisch ausgewertet und zwischen den wt und THP-/- Gruppen verglichen (Tab 4, Abb 12). Renin, GAPDH, proximaler NaPi und die vorwiegend im proximalen Tubulus vorkommende NKA $\beta$  zeigten die gleiche Expression bei den wt und THP-/- Mäusen, während distale Ionentransportproteine eine signifikante Expressionssteigerung in der THP-/- Gruppe aufwiesen. COX-2-Expression war vermindert.



Abbildung 14. Ergebnisse der Western blot Analyse. Die Expression der proximalen und Transportproteine parakrinen JGA Parameter distalen sowie der wurde unter Kontrollbedingungen untersucht. Durch den Einsatz spezifischer Antikörper konnten immunoreaktive Banden entsprechend den publizierten Proteingrößen detektiert werden. Die Signale wurden densitometrisch ausgewertet und zwischen den wt und THP-/- Gruppen verglichen (Tab 4, Abb 12). Bei den THP-/- Mäusen konnte kein positives Signal für THP nachgewiesen werden. Die Expression des Housekeeping-Gens β-Actins zeigte keinen Unterschied zwischen den beiden Gruppen. Die Variabilität der β-Actin-Expression innerhalb der Gruppen war kleiner als 10%. Die im proximalen Tubulus exprimierten Proteine NaPi und AQP1 sowie der JGA-Parameter Renin zeigten die gleiche Expression bei den wt und THP-/-Mäusen, während distale lonentransportproteine (NKAa, NHE3, NKCC2, Barttin, ROMK und NCC) eine signifikante Steigerung in der THP-/- Gruppe aufwiesen. Die COX-2-Expression war vermindert in der THP-/- Gruppe.

### 4.4 Juxtaglomeruläre parakrine Parameter

Die semiguantitative Auswertung der NADPH-dsowie der immunohistochemisch NOS1-positiven MD-Zellen die (bezogen auf Glomerulizahl bei 4 wt und 4 THP-/- Mäusen mit je 4 Gewebsschnitten pro Tier) zeigte keine signifikanten Unterschiede zwischen den wt und THP-/- Gruppen (Abb 15, 17).





Die Quantifizierung der COX-2-mRNS mittels RT-PCR zeigte eine signifikante Verminderung der COX-2-mRNS-Expression um 51% bei den THP-/- im Vergleich zu den wt Mäusen (Abb. 12, 13, Tabelle 4). Die COX-2-Immunreaktivität über Western blot reduzierte sich auf 46% bei den THP-/-Mäusen (Abb. 12, 14, Tabelle 4). Die semiguantitative Auswertung der COX-2immunoreaktiven Zellen bei den THP-/- und wt Mäusen (bezogen auf die Glomerulizahl) zeigte eine signifikante Verminderung der COX-2-Proteinexpression um 46% in der THP-/- Gruppe (Abb. 16c, 17). Die Quantifizierung von Renin-mRNS mittels RT-PCR, Renin-Protein über Western blot, sowie die semiquantitative Auswertung von Renin-immunreaktiven arteriolären Abschnitte zeigten keine signifikanten Unterschiede zwischen den wt und THP-/- Gruppen (Abb 12, 13, 14, 16a, 17, Tabelle 4). Die Semiguantitative Auswertung der Renin-mRNS-positiven arteriolären Portionen

mittels In-situ-Hybridisierung ergab jedoch eine signifikante Verminderung der Renin-mRNS-Expression um 32% in der THP-/- Gruppe (Abb 16b, 17).



### Abbildung 16. Semiquantitative Auswertung der Renin- und COX-2-Expression in der MD.

**a** – Auswertung der Renin-immunoreaktiven arteriolären Portionen zeigte keine Unterschiede zwischen den THP-/- und wt Gruppen. **b** – Auswertung der Renin-mRNS-Produktion mit Hilfe der In-situ-Hybridisierung detektierte eine signifikant verminderte Renin-mRNS-Synthese (um 32%) bei den THP-/- Mäusen im Vergleich zu den wt Tieren. **c** – Auszählung der COX-2-immunoreaktiven MD-Zellen zeigte eine signifikante Verminderung um 46% in der THP-/- Gruppe gegenüber der wt Gruppe.

\* p<0,05



Abbildung 17. Representative Gewebeschnitte aus der semiquantitativen Auswertung der JGA-Parameter. IHC – Immunohistochemie, ISH – In-situ-Hybridisierung.