

64. Jahrestagung der Fachgruppe Pathologie der Deutschen Veterinärmedizinischen Gesellschaft

Datum/Ort:
6./7. März 2021, Online-Tagung

Wissenschaftlicher Leiter:
Prof. Dr. Andreas Beineke

Vorträge

Klein- und Heimtiere

V01 Tumordinfiltrierende Lymphozyten in Mammakarzinomen von Hauskaninchen

Autoren [Schöniger S¹](#), [Degner S²](#), [Zhang Q³](#), [Schandelmaier C⁴](#), [Aupperle-Lellbach H⁴](#), [Jasani B¹](#), [Schoon HA²](#)

Institut 1 Targos Molecular Pathology GmbH, Kassel; 2 Institut für Veterinär-Pathologie, Universität Leipzig; 3 Dr. Senkenbergische Anatomie, Goethe-Universität, Frankfurt/Main; 4 Laboklin GmbH & Co. KG, Bad Kissingen

DOI 10.1055/s-0041-1729408

Einleitung Tumordinfiltrierende Lymphozyten (TILs) stellen wichtige Komponenten der Immunabwehr zur Bekämpfung von Krebszellen dar. Die Auswertung von TILs in Hämatoxylin-Eosin gefärbten Schnitten hat bei Brustkrebs des Menschen prognostische Bedeutung. Ziel dieser Studie ist die Beurteilung von TILs in Mammakarzinomen von Hauskaninchen unter Anwendung der internationalen Richtlinie für die Evaluierung von TILs in soliden Tumoren des Menschen.

Material und Methoden Untersucht wurden 107 Mammakarzinome von 107 Hauskaninchen. Die erhobenen Daten für TILs wurden mit der Mitosezahl, dem histologischen Tumorgrad, dem Estrogen- und Progesteronrezeptor-Status und der Anzahl Calponin-positiver Tumorzellen (CPT) statistisch korreliert.

Befunde Eine statistisch signifikante Korrelation bestand zwischen einer höheren Anzahl an in fokalen Aggregaten gelegenen Stromalen TILs sowie einer niedrigeren Mitoserate, einer besseren Tumordifferenzierung und einer höheren Anzahl an CPT. Der Anstieg an CPT war zudem statistisch signifikant mit einer höheren durchschnittlichen Anzahl an TILs und einer geringeren Mitoserate assoziiert.

Schlussfolgerung Die Ergebnisse sprechen zusammenfassend dafür, dass Stromale TILs auch bei Mammakarzinomen von Hauskaninchen eine prognostische Bedeutung haben könnten.

V02 Was entscheidet über gut oder böse? – Globale Genexpressionsanalysen des Adenoms der hepatoiden Perianaldrüsen und des Adenokarzinoms der apokrinen Analbeuteldrüsen des Hundes

Autoren [Haake AFH¹](#), [Langenhagen AK¹](#), [Jovanovic VM²](#), [Gruber AD¹](#)

Institut 1 Institut für Tierpathologie, Freie Universität Berlin; 2 Bioinformatics Solution Center, Institut für Informatik, Freie Universität Berlin

DOI 10.1055/s-0041-1729409

Einleitung Die häufigsten kaninen perianalen Tumoren – das „hepatoide Adenom“ (HA) und das „apokrine Analbeutelkarzinom“ (AK) – stellen diametral unterschiedliche Neoplasien bezüglich Progression, Metastasierungsverhalten und Prognose dar. Wie werden diese Unterschiede im Transkriptom gespiegelt und kann dieses zum Verständnis, zur Diagnostik und zur Therapie beitragen?

Material und Methoden Aus isoliertem Tumorgewebe (9 HA, 4 AK und ihren 4 Lymphknotenmetastasen) wurde RNA isoliert und mittels der QuantSeq 3'-Technologie einer vergleichenden Transkriptomanalyse unterzogen. Durch bioinformatische Verfahren wurden differenziell exprimierte Gene (DEG) identifiziert und analysiert.

Befunde Die Tumoren konnten klar differenziert (PCA, heat map) werden. Aus 23328 Genen waren 7943 differenziell exprimiert. Markergenmuster passten zu zuvor publizierten immunhistochemischen Daten. DEG lassen zahlreiche punktuelle Unterschiede erkennen, inklusive (Lymph-)Angiogenese, Energiestoffwechsel und Invasion.

Schlussfolgerungen Die überwältigende Zahl unterschiedlicher Genexpressionsmuster macht es schwer, Treibermechanismen für „gut“ oder „böse“ zu erkennen. Bekannte Malignitätsassoziierte Eigenschaften sind jedoch deutlich erkennbar. Ein Vergleich mit anderen Gut-Böse-Paaren wäre interessant.

V03 Das kanine kutane Histiozytom – Langweiler oder Perspektive in der Immunonkologie?

Autoren [Langenhagen AK¹](#), [Haake A¹](#), [Hoppe J¹](#), [Jovanovic VM²](#), [Mundhenk L¹](#), [Gruber AD¹](#)

Institut 1 Institut für Tierpathologie, Freie Universität Berlin; 2 Bioinformatics Solution Center, Institut für Informatik, Freie Universität Berlin

DOI 10.1055/s-0041-1729410

Einleitung Das kanine kutane Histiozytom (KKH) zeigt einen stereotypen Verlauf von der Proliferation reiner Tumorzellen über eine zunehmende Infiltration mit Lymphozyten (Lz) bis hin zur Regression mit massiver örtlicher Lymphozytose. Fraglich ist immer noch, ob und durch welche Eigenschaften der Tumor von Lz erkannt und eliminiert wird oder ob er selbständig in Regression geht mit sekundär einsetzender Immunantwort.

Material und Methoden Aus insgesamt 25 formalinfixierten und in Paraffin eingebetteten (FFPE) KKH unterschiedlicher Stadien wurden tumorzellreiche sowie Lz-reiche Regionen ausgewählt, die RNA isoliert und mittels QuantSeq 3'-System eine systematische, vergleichende Transkriptomanalyse durchgeführt. Durch bioinformatische Methoden wurden differenziell exprimierte Gene identifiziert.

Befunde Für das KKH konnten 12 Markergene nachgewiesen, mehrere, bereits bekannte phänotypische Merkmale der Lz nachvollzogen und für Immunologie und Onkologie relevante Gene identifiziert werden. Rund 1500 Gene waren in den unterschiedlichen Stadien des Tumors differenziell exprimiert.

Schlussfolgerung Die eingesetzten Methoden liefern auch aus FFPE-Proben scheinbar belastbare Daten, die auf verlaufsabhängige Änderungen in den Expressionsmustern des Tumors hindeuten.

Experimentelle Pathologie

V04 Einfluss von Antibiotikavorbereitung auf beatmungsinduzierte Lungenschädigung: Widerspruch zwischen Histologie und Transkriptomanalyse?

Autoren Voss A¹, Liu Y², Hoppe J¹, Firsching TC¹, Wienhold SM², Nouailles G², Witzernath M², Gruber AD¹

Institut 1 Institut für Tierpathologie, Freie Universität Berlin; **2** Medizinische Klinik mit Schwerpunkt Infektiologie und Pneumologie, Charité-Universitätsmedizin Berlin

DOI 10.1055/s-0041-1729411

Einleitung Für Patienten mit akutem Atemnotsyndrom stellt die mechanische Beatmung oft eine lebensrettende Maßnahme dar, die jedoch zu einem multifaktoriellen, beatmungsinduzierten Lungenschaden führen kann. Als möglicher Einflussfaktor wird auch eine vorherige Gabe von Antibiotika verdächtigt.

Material und Methoden Unvorbehandelte sowie 2 Wochen lang über das Trinkwasser mit Amoxicillin und Clavulansäure behandelte Mäuse wurden nach 3-tägiger Auswaschphase über 4 Stunden mit hohem Tidalvolumen (HTV) oder 10 Minuten mit niedrigem Tidalvolumen beatmet. Nach Messungen der Blutgase, Vital- und Lungenfunktionsparameter wurden histologische Beurteilungen und eine Transkriptomanalyse aus FFPE-Material durchgeführt. **Befunde** Während in den klinischen Parametern keine Unterschiede messbar waren, zeigten sich nur bei den antibiotikabehandelten HTV-Mäusen stärkere Bronchiektasien, alveoläre Emphyseme sowie Zerreißen der Alveolarwände. Die Transkriptomanalyse ließ dagegen lediglich starke Effekte der Beatmung erkennen, nicht jedoch der antibiotischen Vorbehandlung.

Schlussfolgerung Die nach antibiotischer Therapie deutlich stärkeren beatmungsinduzierten Strukturschäden scheinen bereits vor der Beatmung disponiert zu werden, da sie im Transkriptom nach Beginn der Beatmung nicht erkennbar sind.

V05 Characterization of murine satellite glial cells of the dorsal root ganglia – a unique cell population with potential regenerative capacities

Authors Huang B^{1,2}, Zdora I^{1,2}, de Buhr N^{3,4}, Baumgärtner W^{1,2}, Leitzen E¹

Institutes 1 University of Veterinary Medicine, Department of Pathology, Hannover, Germany; **2** Center for Systems Neuroscience, Hannover, Germany; **3** University of Veterinary Medicine, Department of Biochemistry, Hannover, Germany; **4** Research Center for Emerging Infections and Zoonoses (RIZ), University of Veterinary Medicine, Hannover, Germany

DOI 10.1055/s-0041-1729412

Introduction Satellite glial cells (SGCs) represent a unique cell population within dorsal root ganglia (DRG) and maintain environmental homeostasis to protect sensory neurons. Interestingly, these cells seem to possess a high level of plasticity and therefore represent promising candidates for future transplantation studies.

Materials and methods DRG of C57BL/6 mice were used for characterization of a specific marker panel and functional subsets in healthy SGCs using immunohistochemistry and immunofluorescence. Antibodies targeting glutamine synthetase (GS), inwardly rectifying potassium (Kir) 4.1 channel, neural stem cell markers (nestin; NG2; Sox2), immunological markers (CD45; CD107b; Iba1) as well as glial cell markers (GFAP; periaxin; CNPase) were applied.

Results Preliminary *in situ* analysis of DRG revealed GS and Kir4.1 channel as highly specific markers for the detection of SGCs. Moreover, subsets of SGCs stained positive for NG2 (55.63%) and CD45 (73.89%), whilst 0% of SGCs showed immunoreactivity for nestin, Sox2, CD107b, Iba1, GFAP, periaxin or CNPase.

Conclusion These data support the hypothesis that SGCs might exhibit a unique phenotype indicating their potential role in regenerative processes.

V06 Die Hausspitzmaus als Tierversuchsmodell für Reservoirwirte von BoDV-1

Autoren Nobach D¹, Raeder L¹, Herzog S², Eickmann M³, Herden C¹

Institut 1 Institut für Veterinär-Pathologie, Justus-Liebig-Universität Gießen; **2** Institut für Virologie, Justus-Liebig-Universität Gießen; **3** Institut für Virologie, Philipps-Universität Marburg

DOI 10.1055/s-0041-1729413

Einleitung Eine Infektion mit Borna Disease Virus 1 verursacht bei Tieren, aber auch beim Menschen die Borna'sche Krankheit. Die Feldspitzmaus ist der Reservoirwirt.

Material und Methoden Insgesamt 15 Hausspitzmäuse wurden experimentell über verschiedene Infektionsrouten (intrazerebral, intranasal, intraperitoneal, subkutan, oral) mit spitzmausadaptierten BoDV-1 infiziert und 42 Tage gescort. Im Anschluss wurden die Gewebe histologisch, mittels qRT-PCR und Immunhistologie untersucht. Aus ausgewählten Geweben wurde eine Virusisolation durchgeführt.

Befunde 11/15 Hausspitzmäuse waren mit BoDV-1 infiziert, 3 Tiere aus der p.o.-Gruppe und ein Tier aus der i.p.-Gruppe waren negativ. 7/15 Tieren wurden aufgrund von Gewichtsverlust und verringerter Futteraufnahme vorzeitig aus dem Versuch entnommen, bei keinem Tier fanden sich histopathologische Veränderungen. Virus-RNA konnte in fast allen Organen nachgewiesen werden, Virusantigen zeigte sich v. a. im zentralen und peripheren Nervensystem, bei einzelnen Tieren in Speicheldrüsenzellen, Hautepithel und braunem Fettgewebe. Infektiöses Virus ließ sich aus verschiedenen Organen isolieren.

Schlussfolgerung Die Virusverteilung entspricht dem aus natürlichen Infektionen von Spitzmäusen bekannten Verteilungsmuster bei einem Reservoir von BoDV-1 mit Ausbreitung über das Nervensystem in verschiedene Ausscheidungsorgane.

Posterpräsentationen

Klein- und Heimtiere

P01 Primäre diffuse leptomeningeale Oligodendrogliomatose bei einer Katze

Autoren Chludzinski E¹, Puff C¹, Weber J², Hewicker-Trautwein M¹

Institut 1 Institut für Pathologie, Stiftung Tierärztliche Hochschule Hannover; **2** Tierärztliche Praxis für Kleintiere, Oer-Erkenschwick

DOI 10.1055/s-0041-1729414

Einleitung Bei der leptomeningealen Gliomatose handelt es sich um eine seltene, großflächige, subarachnoidal gelegene Neoplasie gliazellulären Ursprungs mit ungünstiger Prognose, die bisher vereinzelt beim Hund, Menschen, Rind und bei einer älteren Katze beschrieben wurde.

Material und Methoden Eine ca. 3 Jahre alte, weiblich-kastrierte Katze zeigte nach einem Sprung vom Schrank eine progressive Ataxie und verendete in finaler Seitenlage. Zwecks Abklärung der Erkrankungsursache wurde das Tier zur pathologischen Untersuchung eingeschickt.

Befunde Die Leptomeninge des Rückenmarks wies eine hochgradige, diffuse Infiltration mit einer Rundzellpopulation auf. Immunhistochemisch waren die Zellen positiv für Olig2, MAP2 und Vimentin, woraufhin die Diagnose einer leptomeningealen Oligodendrogliomatose gestellt wurde.

Schlussfolgerung Bei Vorliegen von diffusen intrameningealen Rundzellinfiltraten muss die leptomeningeale Gliomatose auch bei jüngeren Katzen differenzialdiagnostisch berücksichtigt werden.

P02 Pathomorphologische Untersuchungen von fibroadnexaler Dysplasie bei Hunden

Autoren Erber K, Majzoub-Altweck M

Institut 1 Institut für Tierpathologie, Ludwig-Maximilians-Universität München

DOI 10.1055/s-0041-1729415

Einleitung Die fibroadnexale Dysplasie (FAD) ist eine beim Hund seltener vorkommende nicht neoplastische Veränderung der Haut. Die FAD dominiert mit einer oder mehreren hyperplastischen/dysplastischen adnexalen Einheiten in Verbindung mit Fibroplasie und variierenden Entzündungsmustern. Mögliche histomorphologische Variation sowie vergleichende Daten hinsichtlich Rasse, Alter, Geschlecht sowie Lokalisation sollten erfasst werden.

Material und Methoden Im Rahmen der Routinediagnostik des Instituts für Tierpathologie der LMU München wurden 126 Gewebeprobeen evaluiert. Zur Anwendung kamen unterschiedliche Übersichts- bzw. Spezialfärbungen.

Befunde Hunde mit 10 Jahren waren besonders häufig vertreten, wobei Mischlingshunde, Labrador Retriever und Deutsche Schäferhunde die am häufigsten vertretenen Rassen darstellten. Lokalisiert waren die Fälle vermehrt an den Gliedmaßen, insbesondere den Pfoten bzw. speziell den Zehen. Histomorphologisch ergaben sich, neben der klassischen FAD, 2 weitere Ausprägungen.

Schlussfolgerung Lokalisation und die Häufigkeit bestimmter Entzündungsmuster unterstützen eine traumatische Genese der sonst bislang unbekanntenen Ätiopathogenese. Ansatz für weitere Forschung bietet hierbei u. a. die Varianz der mesenchymalen Ausprägung.

P03 Pyogranulomatöse Entzündungen in multiplen Organen eines Hundes mit Nachweis von *Corynebacterium tuberculostearicum*

Autoren Fürstenau J¹, König HG², Lübke-Becker A³, Gruber AD¹

Institut 1 Institut für Tierpathologie, Freie Universität Berlin; 2 Tierarztpraxis Dr. König, Berlin; 3 Institut für Mikrobiologie und Tierseuchen, Freie Universität Berlin

DOI 10.1055/s-0041-1729416

Einleitung Das erst seit 2004 gut bekannte lipophile *Corynebacterium* (*C.*) *tuberculostearicum* wurde bislang nur in wenigen Fällen diverser, teils leproid granulomatöser Organentzündungen beim Menschen isoliert. Eine Bedeutung als Opportunist wird angenommen, jedoch mit hohem Anteil an Multiresistenzen. Sein Nachweis bei Tieren ist bislang nicht bekannt.

Material und Methoden Eine 12-jährige, weiblich-kastrierte, ursprünglich aus Kroatien stammende Hündin zeigte einige Monate nach einer pyometrabedingten Ovariohysterektomie multiple krustöse und putride Hautläsionen, Fieber und zunehmende Abgeschlagenheit. Es erfolgten Biopstatuntersuchungen, eine Obduktion nach spontanem Verenden trotz Therapieversuchen sowie komplexe mikrobiologische Untersuchungen inklusive Resistogrammen.

Befunde Die Haut, generalisiert vergrößerte Lymphknoten, das Omentum majus und nahezu alle parenchymatösen Organe wiesen pyogranulomatöse Entzündungen auf. Im Pankreaslymphknoten konnte bereits intra vitam über Anreicherung *C. tuberculostearicum* nachgewiesen werden. Aus Haut und Lunge wurde postmortal auch *Candida krusei* isoliert.

Schlussfolgerung Eine Bedeutung als primäres Pathogen ist hier – ähnlich wie bei humanen Fällen – fraglich, jedoch können Resistenzen therapeutisch relevant sein.

P04 Ovarialtumoren bei Katzen – Übersicht aus dem Untersuchungsmaterial von 2009–2020 und Kasuistik eines rezidivierenden Dysgerminoms

Autoren Hartung S¹, Henrich M¹, Köhler K¹, Gerlach Sv², Hirz M¹, Herden C¹

Institut 1 Institut für Veterinär-Pathologie, Justus-Liebig-Universität Gießen; 2 Institut für Pathologie, Philipps-Universität Marburg
DOI 10.1055/s-0041-1729417

Einleitung Zu den bei Katzen selten vorkommenden Ovarialtumoren zählen die vergleichsweise häufigeren gonadostromalen Tumoren (Granulosazelltumor, Luteom, Thekom) und die selteneren Keimzelltumoren (Dysgerminom), die meist bei älteren Tieren beschrieben sind. Differenzialdiagnostisch kommen jedoch auch Adenome/-karzinome und Metastasen anderer Tumoren infrage.

Material und Methoden Eingesandtes Ovargewebe von Katzen im Untersuchungsmaterial des Instituts wurde retrospektiv (2009–2020) nach Neoplasien durchsucht. Es wurden HE-Schnitte histopathologisch und z. T. immunhistologische Untersuchungen ausgewertet.

Befunde Im Studienzeitraum waren lediglich 119 Einsendungen von Ovargewebe zu verzeichnen, davon 12 Neoplasien (8 Granulosazelltumoren, 1 Luteom, 1 Dysgerminom, 2 maligne Blastome). Ein Großteil der Proben wurde zur Diagnostik von Ovarrestgewebe (Ovarian Remnant Syndrome) eingesandt. Der Fall des Dysgerminoms wurde 1,5 Jahre später als Sektionsfall mit weitreichender Metastasierung vorgestellt.

Schlussfolgerungen Ovarialtumoren sind bei der Katze selten. Im vorliegenden Untersuchungsmaterial bestätigte sich das vermehrte Auftreten gonadostromaler Tumoren. Ungewöhnlich war dabei das rezidivierende und metastasierende Dysgerminom.

P05 Atherosklerose beim Hund

Autoren Müller J, Hartung S, Herden C, Köhler K

Institut 1 Institut für Veterinär-Pathologie, Justus-Liebig-Universität Gießen
DOI 10.1055/s-0041-1729418

Einleitung Die Atherosklerose ist in der Veterinärmedizin eine vergleichsweise seltene Ursache für systemische oder lokale Arteriosklerosen. Es kommt zu charakteristischen Degenerationen der Gefäßwände mit Ablagerung von Lipiden und Cholesterin sowie daraus resultierenden Kreislaufstörungen. Ein gehäuftes Auftreten beim Hund ist im Zusammenhang mit einer Hypothyreose bekannt.

Material und Methoden Bei 3 Hunden mit Atherosklerose erfolgten eine vergleichende klinische Fallanalyse sowie eine pathologisch-anatomische und histopathologische Untersuchung.

Befunde Neben einer variablen klinischen Symptomatik mit rezidivierenden Haut- und Schleimhautnekrosen bei einem 8-jährigen Pyrenäen-Schäferhund sowie Bewegungsstörungen bei einem 7-jährigen Collie und einem 10-jährigen Golden Retriever bestanden bei allen Hunden eine Hypertriglyzeridämie und Hypercholesterinämie. In allen 3 Fällen fand sich eine Atherosklerose unterschiedlicher Ausprägung. Veränderungen der Schilddrüsen konnten bei 2 der 3 Fälle auch morphologisch bestätigt werden.

Schlussfolgerung Obwohl die Atherosklerose beim Hund einen weitaus geringeren Stellenwert als in der Humanmedizin aufweist, kommt sie gelegentlich vor und kann zu ungewöhnlichen und sehr variablen Krankheitsbildern führen.

P06 Spinale neuroenterische Zyste bei einem Bernhardiner

Autoren Rieger A¹, Distefano C², Rosati M¹, Matiassek K¹

Institut 1 Institut für Tierpathologie, Zentrum für Klinische Tiermedizin, Ludwig-Maximilians-Universität München; 2 Clinica Veterinaria Città di Catania, Catania, Italien

DOI 10.1055/s-0041-1729419

Einleitung Bei neuroenterischen Zysten handelt es sich um seltene raumfordernde Fehlbildungen des ZNS, denen eine unvollständige Separation von Notochord und Endoderm während der Embryonalentwicklung zugrunde liegt. Typisch für die Histologie ist die innere Auskleidung, die respiratorischem oder gastrointestinalem Epithel ähnelt.

Material und Methoden Eine 6 Monate alte Bernhardinerhündin wurde aufgrund einer progressiven Paraparese vorgestellt. Im MRT zeigte sich eine zystische intradurale Umfangsvermehrung auf Höhe der Wirbelsegmente Th2–4. Nach chirurgischer Exzision erfolgte eine (immun-)histologische Untersuchung.

Befunde Der Aufbau der Zystenwand wies große Ähnlichkeit mit der Wandschichtung des Dünndarms auf. Luminal fand sich zottenbildendes Zylinderepithel mit Mikrovillibusatz und eingestreuten Becherzellen, daran anschließend eine Lamina propria sowie eine Schicht glatter Muskelfasern. In der Lamina propria zeigten sich zudem Komplexe von Lymphfollikeln, die den Peyer-Platten ähnelten und bis in eine Submukosa aufgebaut aus lockerem Bindegewebe mit eingestreuten Nerven- und Ganglienzellen sowie Glattmuskelfasern reichten.

Schlussfolgerung Aufgrund ihrer Ausdifferenzierung handelt es sich in dem hier vorgestellten Fall um eine komplexe neuroenterischen Zyste vom Typ B.

Experimentelle Pathologie

P07 MENX – ein endogenes Modell für pseudohypoxische Phäochromozytome

Autoren Ballke S¹, Mohr H², Sarker S¹, Ronderos Herrera MD¹, Weichert W¹, Pellegata N², Steiger K¹

Institut 1 Institut für Pathologie, Comparative Experimental Pathology (CEP), Medizinische Fakultät, TU München; **2** Institut für Diabetes und Krebs, Helmholtz-Zentrum München

DOI 10.1055/s-0041-1729420

Einleitung Pseudohypoxische Phäochromozytome und Paragangliome (p-PPGLs) des Menschen stellen aggressive Neoplasien dar. Effektive Therapieansätze fehlen, auch weil bisher kein geeignetes Tiermodell existiert. MENX-Ratten entwickeln bilaterale Phäochromozytome (PCCs) mit pseudohypoxischen Merkmalen. Diese wurden hinsichtlich ihrer Eignung für die komparative Forschung histomorphologisch charakterisiert.

Material und Methoden Insgesamt 31 PCCs von MENX-Ratten verschiedener Altersgruppen wurden mittels HE-Färbung und Immunhistochemie (Ki67) in Anlehnung an humane Scoring-Systeme charakterisiert. Die Zellularität wurde mittels digitaler Bildanalysen-Software (QuPath v0.1.2) ausgewertet.

Befunde MENX-PCCs zeigten das typische zellballenartige Wachstum mit irregulären Nestern und erhöhter Zellularität. Der Ki67-Index lag zwischen 4% und 60%. Im Vergleich zu humanen PCCs wurden großflächige Nekrosen und Invasion in das umliegende Gewebe seltener gesehen. In 12 Fällen zeigten sich für diese Ratten typische kleine Komedonekrosen im Zentrum irregulärer Nester mit teils fettiger Degeneration.

Schlussfolgerung Auch aus histopathologischer Sicht ähneln MENX-assoziierte PCCs den entsprechenden humanen Tumoren. Das MENX-Rattenmodell scheint somit zur Untersuchung pseudohypoxischer PCCs geeignet zu sein.

P08 Evolution auf molekularer Ebene II: Gemeinsamkeiten von CLCA2 bei Sauropsiden und Säugern

Autoren Bartenschlager F¹, Klymiuk N², Gruber AD¹, Mundhenk L¹

Institut 1 Institut für Tierpathologie, Freie Universität Berlin; **2** Klinik für Kardiologie, Technische Universität München

DOI 10.1055/s-0041-1729421

Einleitung Der CLCA-Cluster 2 (CLCA, engl.: chloride channel regulators, calcium-activated) weist bei allen untersuchten Säugetieren ein einziges Gen

auf, dessen Produkt vorwiegend in verhornendem Epithel exprimiert wird. Bisher ist unbekannt, ob dieses Gen auch in anderen Wirbeltierklassen konserviert ist. Daher wurden CLCA2-Orthologe in ausgewählten Sauropsidenspezies analysiert.

Material und Methoden Die Genomstruktur und die Proteinsequenzen von CLCA2-Orthologen in 4 Sauropsidenspezies (Afrikanischer Strauß, Haushuhn, Pute, Bartagame) wurden in silico analysiert. Die Gewebeexpression von CLCA2 wurde mittels Immunhistochemie mit eigens generierten Anti-CLCA2-Antikörpern untersucht.

Befunde Wie bei Säugern fand sich nur ein CLCA2-Gen in den Sauropsiden. Deren Proteinsequenzen wiesen alle dem Säuger-CLCA2 identischen Funktionsdomänen auf. Weiterhin fand sich in allen untersuchten Spezies eine CLCA2-Expression in mehrschichtigem, nicht verhornendem Epithel.

Schlussfolgerung Die genomische Struktur, die Proteinstruktur sowie das zelluläre Expressionsmuster von CLCA2 sind zwischen Sauropsiden und Säugern vergleichbar. Diese Konservierung spricht für eine evolutionär alte, ähnliche Funktion des Proteins.

P09 In-vivo-Nachweis doppelsträngiger Ribonukleinsäure (RNS) als Früherkennungsmarker unklarer viraler Infektionen am Beispiel des Schweren-akuten-respiratorischen-Syndrom-Coronavirus-2 (SARS-CoV-2) in experimentell infizierten Hamstern

Autoren de le Roi M^{1,2,3,*}, Beythien G^{1,*}, de Buhr N^{4,5}, Stanelle-Bertram S⁶, Herder V^{1,2}, Gabriel G^{6,7}, von Köckritz-Blickwede M^{4,5}, Baumgärtner W^{1,2}

Institut 1 Institut für Pathologie, Stiftung Tierärztliche Hochschule, Hannover; **2** Zentrum für Systemische Neurowissenschaften (ZSN), Stiftung Tierärztliche Hochschule, Hannover; **3** DFG-Graduiertenkolleg „Virusdetektion, Pathogenese und Intervention“ (VIPER), Stiftung Tierärztliche Hochschule, Hannover; **4** Institut für Biochemie, Stiftung Tierärztliche Hochschule, Hannover; **5** Research Center for Emerging Infections and Zoonoses (RIZ), Stiftung Tierärztliche Hochschule, Hannover; **6** Heinrich-Pette-Institut, Leibniz-Institut für Experimentelle Virologie und Immunologie, Hamburg; **7** Institut für Virologie, Zentrum für Infektionsmedizin, Stiftung Tierärztliche Hochschule, Hannover;

* Beide Autor/-innen haben gleichermaßen beigetragen

DOI 10.1055/s-0041-1729422

Einleitung Neu auftretende sowie bisher unbekannt Viren gehen häufig mit lymphohistiozytären Entzündungen einher. Eine direkte, ätiologische Abklärung ist in einer Vielzahl von Fällen jedoch nicht möglich. Moderne molekularbiologische Nachweismethoden sind zudem als zeitaufwendig und kostenintensiv anzusehen, sodass alternative Ansätze unter Einbeziehung formalinfizierten, paraffineingebetteten Materials im Rahmen eines Screening-Ansatzes essenziell für eine zielgerichtete Abklärung möglicher Virusinfektionen sind.

Material und Methoden In der Studie wurden neben viruspezifischen Antikörpern immunhistologische Marker für doppelsträngige (ds) RNS sowie 2 RNS-Sonden zur Detektion des Genoms und replikativer Intermediate von SARS-CoV-2 vergleichend analysiert. Zur Untersuchung gelangte Lungengewebe experimentell SARS-CoV-2-infizierter Hamster.

Befunde Die Ergebnisse zeigen, dass dsRNS zur Detektion einer Virusinfektion einsetzbar ist, wenngleich sich antikörperspezifische Unterschiede feststellen lassen.

Schlussfolgerung Die vorliegenden Befunde bedürfen weitergehender Überprüfungen bei anderen Virusinfektionen bzw. bei anderen Spezies, um die tatsächliche Verwendbarkeit von dsRNS als Frühmarker für Virusinfektionen abschließend beurteilen zu können.

P10 Die Rolle unterschiedlicher Mastzellsubtypen im Rahmen der intestinalen Karzinogenese – ein Spezies-vergleichender Ansatz

Autoren Groll T^{1,2}, Matiassek K², Aupperle-Lellbach H³, Schwittlick U³, Ronderos MD¹, Mogler C¹, Weichert W¹, Steiger K¹

Institut 1 Institut für Pathologie, Comparative Experimental Pathology (CEP), Medizinische Fakultät, TU München; **2** Institut für Tierpathologie, Tierärztliche Fakultät, Ludwig-Maximilians-Universität München; **3** LABOKLIN GmbH & Co. KG, Bad Kissingen

DOI 10.1055/s-0041-1729423

Einleitung Mastzellen (MZ) beeinflussen als Teil des Tumormikromilieus Wachstum, Angiogenese und Metastasierung intestinaler Neoplasien (IN). Vogel et al. klassifizieren murine intestinale MZ in 3 Subtypen: interepitheliale mukosale MZ (ieMMZ), Lamina-propria-assoziierte mukosale MZ (lpMMZ) sowie Bindegewebs-MZ.

Material und Methoden Mittels Immunhistochemie (IHC) (mast cell protease 1 [Mcpt1], Mcpt4, MC-Tryptase, -Chymase u. a.) wurden MZ in IN von Maus (n = 71), Katze (n = 51) und Mensch (n = 53) detektiert und hinsichtlich Lokalisation und Dichte abhängig von Dysplasie- und Dignitätsgraden ausgewertet. Es wurden 4 Mausmodelle der intestinalen Karzinogenese verglichen (chemisch-toxisch induziert, genetisch modifiziert).

Befunde Immunhistochemisch waren mukosale MZ in IN aller Spezies detektierbar. Die ieMMZ-Dichte nahm in murinen und humanen IN von Vorläuferhin zur malignen Läsion ab. Das Braf-Mausmodell (*Vil-Cre;Braf^{flSL-V637E/+}*) zeigte dabei die geringste ieMMZ-Infiltration.

Schlussfolgerung Mukosale MZ sind im Rahmen der intestinalen Karzinogenese bei Maus, Katze und Mensch nachweisbar. Inwiefern sie, ggf. spezies-spezifisch unterschiedlich, das intestinale Tumormikromilieu sowie die Karzinogenese beeinflussen, müssen weiterführende Untersuchungen zeigen.

P11 Ein unterschätzter Schatz in Paraffin – Etablierung einer globalen Transkriptomanalyse an kaninen Tumoren aus FFPE-Material basierend auf der QuantSeq 3'-Technologie

Autoren Haake AFH, Langenhagen AK, Gruber AD

Institut 1 Institut für Tierpathologie, Freie Universität Berlin

DOI 10.1055/s-0041-1729424

Einleitung Tierpathologische Archive stellen – auch im Sinne der 3R – einen unschätzbaren Wert dar. Trotz der bekannten Degradierung von RNA in diesem Material versprechen neue Techniken, diese für Transkriptomanalysen (RNA-Seq) zugänglich zu machen.

Material und Methoden Aus 42 FFPE-Proben 5 verschiedener Hundetumorarten nach bis zu 11 Jahren Lagerung wurde RNA isoliert. Mithilfe des QuantSeq 3'-Systems (Lexogen) wurden Libraries erstellt und sequenziert. Sowohl die isolierte RNA als auch die Ergebnisse der RNA-Seq wurden verschiedenen Qualitätskontrollen unterzogen.

Befunde Über 80% der RNA-Isolate genügten den von Illumina angegebenen Qualitätsanforderungen und konnten für die Library-Präparation genutzt werden. Die sequenzierten biologischen Replikate wiesen eine sehr hohe Korrelation auf und der Anteil der eindeutig zugeordneten Lesevorgänge lag stets bei > 81%. Bekannte Markergene für die jeweiligen Tumoren konnten in den Sequenzdaten nachgewiesen und durch normalisierte Lesevorgänge quantifiziert werden.

Schlussfolgerung Die Daten zeigen, dass die angewendeten Techniken geeignet sind, genügend geeignete RNA aus FFPE-Material zu isolieren und aus dieser belastbare Sequenzierungsergebnisse zu generieren. Systematische Transkriptomanalysen aus Archivproben rücken näher.

P12 Gut recherchiert? – Eine Annäherung an die Rolle von CLCA1 in Gelenken durch die Nutzung molekularer Datenbanken

Autoren Hoppe J¹, Bartenschlager F¹, Mundhenk L¹, Jovanovic V², Gruber AD¹

Institut 1 Institut für Tierpathologie, Freie Universität Berlin; **2** Institut für Informatik, Bioinformatics Solution Center, Freie Universität Berlin

DOI 10.1055/s-0041-1729425

Einleitung CLCA1 (chloride channel regulator, calcium activated 1) wird von Becherzellen im Respirations- und Intestinaltrakt sezerniert, moduliert die Muzinprozessierung und wird mit Erkrankungen wie Mukoviszidose und Asthma assoziiert. Überraschenderweise fanden wir CLCA1 auch im Synovium vieler Tierarten und des Menschen. Inwieweit können zur Klärung seiner Funktion in Gelenken Informationen aus öffentlich zugänglichen molekularen Datenbanken eigene Experimente ersetzen?

Material, Methoden und Befunde Eine strukturierte Recherche unter Nutzung des *Gene Expression Omnibus*, des *Sequence Read Archive* sowie der *Bio-Project*-Datenbank des *National Center for Biotechnology Information* identifizierte tausende archivierte Einzeluntersuchungen an verschiedenen Spezies mit Bezug zu diversen Gelenkerkrankungen, aber auch physiologischen Expressionsmustern von *CLCA1*.

Schlussfolgerungen Mit zunehmender Sensibilisierung der Gesellschaft gegenüber Tierversuchen können Datenbanken zur Umsetzung des 3R-Prinzips, insbesondere zur Vermeidung wiederholter ähnlicher Experimente beitragen. Im Fall von *CLCA1* konnte eine Fülle wertvoller Informationen für ein erstes Verständnis seiner Pathophysiologie bezüglich differenzieller Expression und molekularer Interaktionen in Gelenken gewonnen werden.

P13 Integration digitalisierter Histo- und Zytopathologie in ein Open-Source-DICOM-Datenbank- und Viewer-System

Autoren Kershaw O¹, Spiegelberg D², Gruber AD¹

Institut 1 Institut für Tierpathologie, Freie Universität Berlin; **2** IT-Abteilung, Freie Universität Berlin

DOI 10.1055/s-0041-1729426

Einleitung Der DICOM-Standard (Digital Imaging and Communications in Medicine) dient der Speicherung und dem Austausch von medizinischen Bildern wie Makrofotos, Röntgen, MRT, CT sowie Metadaten über eine offene, herstellerunabhängige Kommunikationsplattform. Histologie- und Zytologiebefunde sind darin auch technisch bedingt üblicherweise noch nicht integriert.

Material und Methoden Das Standard-DICOM-System wurde für die Integration und Browser-/HTML5-basierende Ansicht von digitalisierten zytologischen/histologischen Bilddaten ("virtual slides") erweitert, unabhängig von Geräte- oder anbieterspezifischer Software- oder Dateistandards.

Ergebnisse Das System ermöglicht die automatisierte Umwandlung jeglicher Art von mikroskopischen Bilddaten aus einem gerätespezifischen Scancontext in den DICOM-Standard. Zusätzlich können patienten- und bildbezogene Daten systematisch hinterlegt werden.

Schlussfolgerungen Die Softwarelösung erlaubt die Nutzung, Ansicht und Archivierung von "virtual slides" systemunabhängig auch auf Smartphones, Tablets und PC. Ohne zusätzliche Software können ergänzend Annotationen und metrische Auswertungen erfolgen. Da es sich um ein offenes System handelt, sind firmenunabhängige Erweiterungen sowie Anpassungen an individuelle Bedürfnisse jederzeit möglich.

P14 3R → 3D: Hautmodell zur Studie von Virusinfektionen

Autoren Müller J, Nobach D, Herden C

Institut 1 Institut für Veterinär-Pathologie, Justus-Liebig Universität Gießen
DOI 10.1055/s-0041-1729427

Einleitung Die Ermittlung von Aufnahme- und Ausscheidungsgeweben bei Virusinfektionen ist für eine Risikoanalyse von hoher Bedeutung. Dies gilt insbesondere auch für Orthobornaviren, die nach neueren Untersuchungen z. T. als Zoonose einzustufen sind. Um die Relevanz einer intakten Hautbarriere an der Erregeraufnahme und -ausbreitung zu untersuchen, wurden 3D-Hautmodelle des Virusreservoirs (Spitzmaus) sowie Endwirtes (Pferd) etabliert und charakterisiert.

Material und Methoden Die gewonnene Haut wurde bis zu 10 Tage in Kultur gehalten und anschließend mittels Histologie und Immunhistochemie näher untersucht, um in Folgeversuchen die Virusausbreitung in der Haut über verschiedene Infektionsrouten (intakte Haut, mit Läsion versehene Haut und über das Medium) beurteilen zu können.

Ergebnisse In beiden etablierten Hautkulturen zeigte sich an Tag 4 ein Bild, das der Vergleichskultur von Tag 0 noch weitestgehend entsprach. Mit zunehmender Kultivierungsdauer wurden die autolytischen Veränderungen, insbesondere in der Muskulatur, stärker. Der Gewebeerhalt war dennoch an Tag 10 noch ausreichend vorhanden.

Schlussfolgerung Beide Hautmodelle stellen sich als geeignet dar und sind eine gute Alternative zu kommerziellen Hautkulturen. Insbesondere sind sie von Vorteil, da sie den physiologischen Gewebeaufbau mit speziesspezifischen Unterschieden berücksichtigen.

P15 CARD9 signaling promotes hippocampal neurogenesis and cytokine balance in a mouse model of virus-induced encephalitis

Authors Pavasutthipaisit S^{1,3,4}, Stoff M¹, Ciurkiewicz M¹, Störk T¹, Mayer-Lambertz S², Ebbecke T^{2,3}, Baumgärtner W^{1,3}, Lepenies B^{2,3}, Beineke A^{1,3}

Institutes 1 University of Veterinary Medicine Hannover, Department of Pathology, Germany; 2 Institute for Immunology & Research Center for Emerging Infections and Zoonoses, University of Veterinary Medicine Hannover, Germany; 3 Center for Systems Neuroscience, Hannover, Germany; 4 Mahanakorn University of Technology, Faculty of Veterinary Medicine, Bangkok, Thailand

DOI 10.1055/s-0041-1729428

Introduction Theiler's murine encephalomyelitis (TME) is a mouse model for virus-induced encephalitis. Innate immunity requires caspase recruitment domain family member 9 (CARD9) as a central signaling adaptor protein that functions downstream of several C-type lectin receptors including Dectin-1, Dectin-2, MCL, and Mincle. CARD9 signaling has a protective function in encephalitis caused by fungi, albeit its function in viral encephalitis remains undetermined.

Materials and methods TME virus of the DA strain was intracerebrally injected in CARD9^{-/-} and wild type C57BL/6 mice. Brain tissues were evaluated by immunohistochemistry and RT-qPCR.

Results Immunohistochemistry showed a significant decrease of doublecortin⁺ neuronal progenitor cells in the dentate gyrus, while arginase 1⁺ M2-type macrophages/microglia were increased in CARD9^{-/-} mice at 7- and 14-days post infection (dpi). RT-qPCR analysis revealed significantly elevated IL-1β and IFN-γ mRNA levels at 3 dpi, and an increased IL-5 mRNA expression at 7 dpi in CARD9^{-/-} mice.

Conclusion Intact CARD9 signaling supports adult neurogenesis and cytokine balance in TMEV-induced acute encephalitis.

P16 Neuropathologische Veränderungen nach intranasaler Infektion mit Rifttalfeber-Virus – ein murines Modell für die humane Enzephalitis

Autoren Schuwerk L¹, Michaely LM^{1,2}, Allnoch L^{1,2}, Larsen P³, Waltl I³, Schön K^{4,5}, Becker S^{2,4,5}, Kalinke U², Baumgärtner W^{1,2}, Gerhäuser I^{1,2}

Institut 1 Institut für Pathologie, Stiftung Tierärztliche Hochschule Hannover; 2 Zentrum für systemische Neurowissenschaften, Stiftung Tierärztliche Hochschule Hannover; 3 TWINCORE, Zentrum für experimentelle und klinische Infektionsforschung, Hannover; 4 Research Center for Emerging Infections and Zoonoses (RIZ), Stiftung Tierärztliche Hochschule Hannover; 5 Institut für Parasitologie, Stiftung Tierärztliche Hochschule Hannover

DOI 10.1055/s-0041-1729429

Einleitung Eine Infektion mit dem Rifttalfeber-Virus (RVFV) kann beim Menschen zu einer schweren Enzephalitis führen. Die IFN-I-Antwort (IFN-I = Typ-I-Interferon) spielt eine zentrale Rolle in der Virusabwehr, die Bedeutung der einzelnen Zellpopulationen im zentralen Nervensystem (ZNS) für die Pathogenese ist bisher jedoch nicht im Detail geklärt.

Material und Methoden C57BL/6-Mäuse wurden intranasal mit 10³ bis 10⁴ PFU RVFV Clone 13 oder einem Placebomedium infiziert und bis zu 21 Tage post infectionem beobachtet. Läsionen und Virusverteilung wurden mittels histologischer und immunhistochemischer Untersuchung (IHC) analysiert.

Befunde Läsionen im ZNS, die sich v. a. als Nekrosen darstellten, wurden vorrangig im Hirnstamm (ventrales Corpus striatum, Hypothalamus, Medulla oblongata) beobachtet. Einige der infizierten Mäuse wiesen eine Meningitis auf. Untersuchungen mittels IHC ergaben eine intra- und periläsionale Anhäufung von RVFV-Antigenen.

Schlussfolgerungen Die beobachteten Läsionen lassen auf eine erfolgreiche Ausprägung einer RVFV-induzierten Enzephalitis im Mausmodell schließen. Mit diesem Modell soll weitergehend die Krankheitsausprägung an Mausstämmen untersucht werden, die zelltypspezifische IFN-I-Rezeptordefizienzen in Neuronen, Astrozyten oder Mikroglia aufweisen.

P17 A T-cell a day keeps Theiler away – Der Einfluss nicht reaktiver T-Zellen auf den Verlauf einer Theilervirusinfektion bei Mäusen mit C57BL/6-Hintergrund

Autoren Wannemacher R¹, Lühder F², Flügel A^{2,3}, Baumgärtner W^{1,3}, Hülskötter K^{1,3}

Institut 1 Institut für Pathologie, Stiftung Tierärztliche Hochschule Hannover; 2 Institut für Neuroimmunologie und Multiple-Sklerose-Forschung der Universitätsmedizin Göttingen; 3 Zentrum für systemische Neurowissenschaften Hannover

DOI 10.1055/s-0041-1729430

Einleitung Nach intrazerebraler Infektion mit dem BeAn-Stamm des "Theiler's murine encephalomyelitis virus" (TMEV) entwickeln C57BL/6 Mäuse eine akute Polioenzephalomyelitis. OT-I-Mäuse auf C57BL/6-Hintergrund tragen einen transgenen T-Zell-Rezeptor mit vorwiegender Selektion Hühnerovalbumin-(OVA)-spezifischer CD8⁺ T-Zellen. Der Anteil von CD4⁺ T-Zellen an der Gesamtpopulation ist zusätzlich deutlich reduziert, weshalb die allgemeine T-Zell-Antwort dieser Tiere stark beeinträchtigt ist.

Material und Methoden OT-I-Mäuse wurden intrazerebral mit TMEV-BeAn infiziert, klinisch, histologisch und immunhistologisch untersucht. Periphere T-Zellen wurden mittels Durchflusszytometrie analysiert.

Befunde Innerhalb einer Woche nach Infektion zeigten die Mäuse progressive allgemeine und motorische Symptome mit Gewichtsverlust. Spätestens an Tag 35 hatten alle Mäuse die Versuchsabbruchkriterien erreicht. Histologisch zeigten die Tiere multifokale Läsionen mit Nachweis von TMEV in Großhirn und Rückenmark. Die analysierten CD8⁺ T-Zellen wiesen nur ein geringes Aktivierungslevel auf.

Schlussfolgerung C57BL/6-Mäuse mit nicht reaktiven CD8⁺ T-Zellen entwickeln eine akute Polioenzephalomyelitis mit Ausbreitung von TMEV ins Rückenmark, weisen jedoch keine Demyelinisierung auf.

P18 Digitalisierung in der Pathologie – Neue Möglichkeiten und deren Hürden

Autoren [Wirges N](#), [Weichert W](#), [Steiger K](#)

Institut 1 Institut für allgemeine Pathologie und pathologische Anatomie, Fakultät für Medizin, TU München

DOI [10.1055/s-0041-1729431](https://doi.org/10.1055/s-0041-1729431)

Einleitung Das Einscannen von Objektträgern sowie ihre Barcode-basierte Zuordnung zu Fällen stellt einen wesentlichen Baustein eines digitalen Workflows in der Routine-Pathologie dar.

Material und Methoden Der mögliche Einsatz von Hochdurchsatzscannern in der Routinediagnostik der Pathologie der TU München wurde hinsichtlich Machbarkeit und des dafür notwendigen Zeitbedarfs geprüft.

Befunde Im manuellen Workflow dauert die Verfügbarmachung der Schnitte zur ärztlichen Befundung im günstigsten Fall 3 Minuten, digital 17 Minuten/Schnitt bzw. bis zu 75 Minuten/Fall. Der notwendige Speicherbedarf bei kompletter Digitalisierung und Archivierung des Routineeingangs beträgt derzeit ca. 250 TB/Jahr. Im wissenschaftlichen Workflow konnte bereits ein teildigitalisierter Arbeitsablauf inklusive Bereitstellung der digitalen Schnittpräparate über eine Online-Datenbank (ca. 3000 Scans/Monat) realisiert werden.

Schlussfolgerung Die Digitalisierung in der Routine-Pathologie bietet neben der Option der Befundung durch Fernzugriff eine vereinfachte Möglichkeit zur Konsultation von Kollegen sowie eine beschleunigte Verfügbarmachung bereits archivierter Objektträger. Es gilt bei der Implementierung jedoch auch Limitationen, insbesondere hinsichtlich der Befundungsgeschwindigkeit, zu bedenken.

P19 Spezifische Merkmale der Satellitengliazellen von Hund und Schwein

Autoren [Zdora I](#)^{1,2}, [Huang B](#)^{1,2}, [de Buhr N](#)^{3,4}, [Baumgärtner W](#)^{1,2}, [Leitzen E](#)¹

Institut 1 Institut für Pathologie, Stiftung Tierärztliche Hochschule,

Hannover; **2** Zentrum für Systemische Neurowissenschaften (ZSN),

Hannover; **3** Institut für Biochemie, Stiftung Tierärztliche Hochschule,

Hannover; **4** Research Center for Emerging Infections and Zoonoses (RIZ),

Stiftung Tierärztliche Hochschule, Hannover

DOI [10.1055/s-0041-1729432](https://doi.org/10.1055/s-0041-1729432)

Einleitung Satellitengliazellen (SGZ) umhüllen die Perikarya sensorischer Neurone in den Dorsalwurzelganglien (DWG) und schützen sie, indem sie die neuronale Homöostase aufrechterhalten und regulieren. Ihnen werden außerdem ein regeneratives Potenzial sowie ein multipotenter Charakter zugeschrieben. Die meisten Studien beschäftigen sich mit SGZ von Ratten und Mäusen, nur wenige haben bisher die Charakteristika dieser Zellpopulation an Hunden und Schweinen untersucht, wenngleich sich diese Spezies insbesondere für die translationale Forschung eignen.

Material und Methoden Kanine und porzine DRG wurden sowohl histomorphologisch als auch immunhistologisch und immunfluoreszenzmikroskopisch untersucht. Dafür wurden u. a. Antikörper gegen Glutamin-Synthetase (GS) und den Kaliumkanal Kir4.1 verwendet.

Befunde Kanine und porzine SGZ ummanteln in ähnlicher Weise die Zellkörper der Neurone und bilden so eine schützende Hülle. Erste Ergebnisse zeigen, dass die SGZ beider Spezies immunpositiv für dieselben SGZ-spezifischen Marker (GS, Kir4.1) in DWG sind.

Schlussfolgerung Das Wissen über die Morphologie und den Phänotyp kaniner und porziner SGZ ist Voraussetzung dafür, ein detaillierteres Verständnis dieser Zellpopulation zu erlangen sowie ihr potenziell regeneratives Potenzial zu nutzen.