Aus der Klinik für Urologie und Kinderurologie, Universitätsklinikum des Saarlandes, Homburg/Saar (Direktor: Prof. Dr. M. Stöckle)

Rolle von extrazellulären Vesikeln für die Resistenzinduktion in Nierenzellkarzinomen unter Behandlung mit Pazopanib

Dissertation zur Erlangung des Grades eines Doktors der Medizin der Medizinischen Fakultät der UNIVERSITÄT DES SAARLANDES

vorgelegt von Helen Klonig geb. am 19.01.1998 in Dahn

Tag der Promotion: 05.11.2024Dekan:Univ.-Prof. Dr. med. dent. Matthias HannigBerichterstatter:Prof. Dr. med. Kerstin JunkerProf. Dr. med. Lorenz Thurner

Inhaltsverzeichnis

1. ZUSAMMENFASSUNG	6
2. EINLEITUNG	8
2.1 KLARZELLIGES NIERENZELLKARZINOM	8
2.1.1 Epidemiologie	8
2.1.2 Risikofaktoren	9
2.1.3 Histopathologische Einteilung nach WHO	9
2.1.4 Einteilung des Tumorstadiums	11
2.1.5 Symptomatik	13
2.1.6 Diagnostik	14
2.1.7 Prognose	14
2.1.8 Therapie	16
2.1.8.1 Therapie des nicht-metastasierten Nierenzellkarzinoms	16
2.1.8.2. Therapie des metastasierten Nierenzellkarzinoms	17
2.1.8.3 Zugrundeliegende molekulare Mechanismen der systemischen Therapie	
2.1.8.4 Wirkungsweise der systemischen Therapie	21
2.1.8.5 Therapieschemata	23
2.1.9 Spezifische Wirkung von Pazopanib	25
2.1.10 Entwicklung einer Therapieresistenz unter Behandlung mit Tyrosinkinaseinhibitor	en26
2.2 EXTRAZELLULÄRE VESIKEL	28
2.2.1 Aufbau und Synthese von extrazellulären Vesikeln	28
2.2.2 Funktionen von extrazellulären Vesikeln	31
2.2.3 Rolle von extrazellulären Vesikeln bei der Entwicklung einer Therapieresistenz	
3. ZIELSTELLUNG	34
4. MATERIAL UND METHODEN	35
4.1 MATERIAL	35
4.1.1 Lösungen und Medien für die Zellkultur	35
4.1.2 Verbrauchsmaterialien	
4.1.3 SDS-Page und Immunoblotting	
4.1.4 Antikörper	
4.1.5 Allgemeine Puffer und Lösungen	
4.1.6 Fluoreszenzmarkierung von Exosomen	
4.1.7 Geräte	
4.2 METHODEN	40
4.2.1. ALLGEMEINE ZELLKULTURMETHODEN	41
4.2.1.1 Zelllinie	41
4.2.1.2 Etablierung der Pazopanib-resistenten Zellen	41
4.2.1.3 Subkultivieren adhärenter Zellen in der Zellkultur	
4.2.1.4 Kryokonservierung adhärenter Zellen	43

	4.2.1.5 Auftauen adhärenter Zellen	43
	4.2.1.6 Zellzählung	44
	4.2.1.7 WST-1-Assay	44
	4.2.1.8 Etablierung der LC-50	45
	4.2.2. EXOSOMENISOLATION	48
	4.2.2.1 Zellkultur	48
	4.2.2.2 Herstellung des Exosomen-depletierten fetalen Kälberserums (FCS)	48
	4.2.2.3 Differentielle Zentrifugation	48
	4.2.2.4 Ultrazentrifugation	49
	4.2.3. EXOSOMENCHARAKTERISIERUNG	49
	4.2.3.1 Vorbereitung der Proben	50
	4.2.3.2 SDS-PAGE	51
	4.2.3.3 Immunoblotting	51
	4.2.3.4 Antikörperdetektion	52
	4.2.4. NANOPARTICLE TRACKING ANALYSIS (NTA)	54
	4.2.5. ÜBERPRÜFUNG DER RESISTENZÜBERTRAGUNG	54
	4.2.6. AUFNAHME FLUORESZENZMARKIERTER EXOSOMEN	56
	4.2.6.1 Aussäen der Zellen	56
	4.2.6.2 PKH26-Markierung von Exosomen	57
	4.2.6.3 Fixierung der Zellen und Phalloidin-Färbung	58
	4.2.6.4 Detektion	59
5	. ERGEBNISSE	60
	5.1 ETABLIERUNG DER ZELLZAHLEN	60
	5.2 ÜBERPRÜFUNG DER RESISTENZ GEGEN PAZOPANIB IN DER ZELLLINIE 786-O NACH	-1
	LANGZEITBEHANDLUNG	62
	5.2.1 Zellviabilitätswerte von 786-O ^{PR} im Vergleich zu 786-O ^{WT} bei steigenden Pazopanib-	
	Konzentrationen	62
	5.2.2 IC50 von 786-O ^{PR} im Vergleich zu 786-O ^{WT}	65
	5.3 ISOLATION UND CHARAKTERISIERUNG DER EXOSOMEN	72
	5.3.1 Nanoparticle tracking analysis (NTA)	72
	5.3.2 Immunoblot	75
	5.4 NACHWEIS DER AUFNAHME VON EXOSOMEN PAZOPANIB-RESISTENTER 786-O-	
	ZELLEN IN SENSITIVE 786-O-ZELLEN	76
	5.5 ANALYSE DER EFFEKTE DER EXOSOMEN RESISTENTER 786-O-ZELLEN AUF DIE	
	ZELLVIABILITÄT SENSITIVER ZELLEN	77
6	. DISKUSSION	82
6	. DISKUSSION	82
6	. DISKUSSION 6.1 METHODISCHE OPTIMIERUNG DER VERSUCHSABLÄUFE 6.2 BESTÄTIGUNG DER RESISTENZ GEGEN PAZOPANIB IN DER ZELLLINIE 786-O NACH	82 82

6.3 ISOLATION UND CHARAKTERISIERUNG DER EXOSOMEN PAZOPANIB-SENSITIVI	ER UND
PAZOPANIB-RESISTENTER 786-O-ZELLEN	
6.4 NACHWEIS DER AUFNAHME VON EXOSOMEN RESISTENTER 786-O-ZELLEN IN	
SENSITIVE ZELLEN	
6.5 ANALYSE DER EFFEKTE DER EXOSOMEN AUF DIE ZELLVIABILITÄT	91
7. SCHLUSSFOLGERUNGEN UND AUSBLICK	95
8. ABBILDUNGSVERZEICHNIS	96
9. TABELLENVERZEICHNIS	100
10. LITERATURVERZEICHNIS	101
11. DANKSAGUNG	118
12. LEBENSLAUF	119

1. Zusammenfassung

Maligne Nierentumoren sind in Deutschland unter den zehn häufigsten Tumorentitäten zu finden [53]. Da Patienten mit Fernmetastasen nach durchschnittlich 6 bis 15 Monaten eine Resistenz gegen Tyrosinkinaseinhibitoren als Bestandteil der systemischen Therapie entwickeln, ist es von großem Interesse, die Mechanismen der Resistenzentwicklung zu verstehen [143]. Zellen kommunizieren über kleine extrazelluläre Vesikel, sog. Exosomen, miteinander und können so DNA, RNA, Lipide, Proteine und Kohlenhydrate austauschen [79,178].

In dieser Arbeit wurde untersucht, ob Exosomen eine Resistenz gegen den Tyrosinkinaseinhibitor Pazopanib übertragen können. Die verwendete Pazopanib-resistente Zelllinie 786-O^{PR} weist bei ansteigender Pazopanibkonzentration (7 – 22 μM) dauerhaft eine höhere Zellviabilität als die sensitive Zelllinie 786-O^{WT} auf und zeigt eine deutlich erhöhte IC50. Sowohl die Exosomen von 786-O^{WT} als auch die Exosomen von 786-O^{PR} exprimieren in Immunoblot-Analysen CD63 und Syntenin als exosomale Marker. In NTA-Messungen weisen die Exosomen eine durchschnittliche Größe zwischen 115 und 132 nm auf, insgesamt sezernieren 786-O^{PR}-Zellen mehr Exosomen als 786-O^{WT}. Fluoreszenzgefärbte Exosomen von 786-O^{PR} werden in sensitive 786-O^{WT}-Zellen aufgenommen.

Durch die Stimulation von sensitiven Zellen mit Exosomen von 786-O^{PR} kann die Zellviabilität unter Behandlung mit Pazopanib von 17,9% (PBS-Kontrolle) auf maximal 33,5% (8 µg/ml 786-O^{PR}-Exosomen) gesteigert werden (p = 0,995). Die Erhöhung der Zellviabilität kann auch durch Stimulation der Zellen mit Exosomen von 786-O^{WT} erreicht werden, der Effekt ist allerdings weniger stark ausgeprägt (maximal 20,3% nach Stimulation mit 8 µg/ml 786-O^{WT}-Exosomen, p = 1,0). Eine Stimulation mit 786-O^{PR}-Exosomen resultiert in einer generellen Steigerung der Zellviabilität von 100% (PBS-Kontrolle) auf maximal 159,8% (8 µg/ml 786-O^{PR}-Exosomen) unter Behandlung mit DMSO (p = 0,026).

786-O^{PR}-Zellen zeigen eine verstärkte Expression von Axl/c-MET im Vergleich zu den sensitiven Zellen als Hinweis auf eine mögliche Hochregulation eines alternativen Pathways zur Zellproliferation.

In dieser Arbeit konnte gezeigt werden, dass sensitive 786-O-Zellen durch Stimulation mit Exosomen resistenter 786-O-Zellen eine höhere Toleranz gegen eine Behandlung mit dem Tyrosinkinaseinhibitor Pazopanib aufweisen. Um die beobachteten Effekte auf das Zellüberleben in kausalem Zusammenhang mit einer Exosomenstimulation bringen zu können, müssen sich weitere Experimente anschließen. Eine genauere Charakterisierung des Inhalts der Exosomen sensitiver und resistenter 786-O-Zellen kann zur Klärung der Resistenzentwicklung beitragen. Da es zahlreiche zelluläre Pathways zur Zellproliferation und zum Zellüberleben gibt, ist die Entdeckung eines singulären Übertragungsmechanismus

6

unwahrscheinlich. Vielmehr ist eine Kombination aus mehreren molekularen Mechanismen denkbar, wobei nicht nur Exosomen eine Rolle spielen.

Renal malignancies are to be found amongst the ten most prevalent cancers in Germany [53]. As patients treated with systemic therapy usually develop resistances against the widely used tyrosine kinase inhibitors after about 6 to 15 months of treatment, it is of great interest to further investigate the mechanisms behind developing resistances against targeted therapy [143]. Exosomes as means of intercellular communication serve to exchange DNA, RNA, lipids, proteins and carbohydrates between cells [79,178]. This doctoral thesis sought to explore whether or not exosomes could transfer a resistance against the tyrosine kinase inhibitor Pazopanib.

786-O^{PR} (Pazopanib-resistant ccRCC-cells) constantly display a higher cell viability while being exposed to rising concentrations of Pazopanib (7 – 22 μ M) in comparison to Pazopanib-sensitive 786-O^{WT} cells and also present to have a higher IC50.

Exosomes of both 786-O^{WT} and 786-O^{PR} express exosomal markers such as CD63 and Syntenin in western blot analysis. Nanoparticle tracking analysis showed the average size of exosomes to be ranging between 115 and 132 nm. In addition to that, 786-O^{PR} produces far more exosomes than 786-O^{WT}. The stimulation of sensitive 786-O^{WT} cells with 8 μ g/ml exosomes derived from 786-O^{PR} leads to an increase in cell viability from 17.9% up to 33.5% when cells are treated with Pazopanib after stimulation (p = 0.995). Slight increases in cell viability can also be achieved by stimulating 786-O^{WT} cells with their own exosomes, even though the effect is not as strong with a maximum of 20.3% cell viability after stimulation with 8 μ g/ml 786-O^{WR} exosomes (p = 1.0). If cells are treated with DMSO, stimulation of 786-O^{WT} cells with exosomes derived from 786-O^{PR} results in rising the cell viability up to 159.8% compared to the cell viability of cells stimulated with PBS only (100%, p = 0.026).

786-O^{PR} cells show increased expression of Axl/c-MET, which might indicate a possible upregulation of alternative pathways stimulating cell proliferation.

The results of this thesis indicate that exosomes derived from TKI-resistant cells alter the cell viability of sensitive cells. To further investigate the observed impact of exosomes on the survival and proliferation and draw causal linkage between stimulation with exosomes and increase in cell viability, further experiments have to follow up. Additional characterization of exosomes and their cargo could contribute to explaining the development of resistance. Since there are several pathways regulating cell proliferation and survival, it is highly unlikely to be one single mechanism responsible for developing resistances. Rather it should be taken into consideration that a combination of several molecular mechanisms is involved.

2. Einleitung

2.1 Klarzelliges Nierenzellkarzinom

2.1.1 Epidemiologie

Maligne Tumoren der Niere gehören zu den häufigsten Tumoren der westlichen Industrienationen mit weltweit etwa 400.000 Neuerkrankungen jährlich [50]. In Deutschland zählen maligne Nierentumoren zu den zehn häufigsten Tumorneuerkrankungen [53]. Im Jahr 2018 erkrankten in Deutschland 9350 Männer an einem malignen Nierentumor, 3108 starben daran [53]. Der prozentuale Anteil des Nierenzellkarzinoms an allen Tumorneuerkrankungen betrug bei Männern in diesem Jahr 3,5%, womit das Nierenzellkarzinom an neunter Stelle der Tumorlokalisationen beim Mann steht [53]. Im Vergleich dazu erkrankten im Jahr 2018 5480 Frauen, 1931 starben an einem malignen Nierentumor. Prozentual machen Nierentumore bei Frauen einen Anteil von 2,4% aus und stehen daher erst an zehnter Stelle [53]. Männer sind von einem malignen Nierentumor annähernd doppelt so häufig betroffen wie Frauen (Abb. 1) [53]. Die Inzidenz des Nierenzellkarzinoms ist in den letzten Jahren in Deutschland leicht rückläufig [53].

Das mittlere Erkrankungsalter des klarzelligen Nierenzellkarzinoms liegt im 6. und 7. Lebensjahrzehnt: Frauen erkranken durchschnittlich in einem Alter von 71 bis 72 Jahren, Männer etwas früher im Alter von 68 Jahren [53].



Abbildung 1: Altersstandardisierte Neuerkrankungs- und Sterberaten nach Geschlecht, ICD-10 C64, Deutschland 1999 – 2018/2019, Prognose (Inzidenz) bis 2022, modifiziert [53]

2.1.2 Risikofaktoren

Für das Nierenzellkarzinom sind einige Risikofaktoren bekannt. Grundsätzlich kann man innerhalb der Risikofaktoren zwischen hereditären und nicht-hereditären, teils beeinflussbaren, Faktoren unterscheiden. Als wichtigste beeinflussbare Risikofaktoren sind Nikotinabusus, Adipositas und arterielle Hypertonie zu nennen.

Durch das Rauchen von Zigaretten ist das Risiko sowohl für Patienten, die in ihrer Vergangenheit längere Zeit geraucht haben als auch für Patienten, die derzeit immer noch rauchen, deutlich erhöht [37,46,115]. Bei Rauchern mit mehr als 22,5 Pack Years wurde eine Risikoerhöhung um circa 50% im Vergleich zu Menschen, die niemals geraucht haben, festgestellt [115]. Gleichzeitig besteht ein dosisabhängiger Effekt: Je mehr ein Patient geraucht hat, desto höher ist das Risiko für die Erkrankung an einem Nierenzellkarzinom [87].

Adipositas stellt einen generellen Risikofaktor für eine maligne Tumorerkrankung dar [100]. Das Nierenzellkarzinom steht ebenfalls in Zusammenhang mit Übergewicht, neben Rauchern haben auch Übergewichtige (BMI > 25kg/m²) ein erhöhtes Risiko für ein Nierenzellkarzinom [17,100,115]. Dabei scheint der BMI auch einen Einfluss auf den histologischen Subtyp des Nierenzellkarzinoms zu haben: Ein steigender BMI wird vermehrt mit einem klarzelligen Nierenzellkarzinom assoziiert [112].

Als weiteren Risikofaktor ist eine arterielle Hypertonie zu nennen [46,115,167,173]. Patienten mit einem langjährig bestehenden Hypertonus haben ein erhöhtes Risiko, an einem Nierenzellkarzinom zu erkranken.

Weitere nicht-hereditäre Faktoren sind eine terminale Niereninsuffizienz [31,113,115], Alter und Geschlecht [115], sowie die Exposition gegenüber Toxinen wie Trichlorethylen [4,127]. Als wichtigster hereditärer Risikofaktor gilt vor allem das Von-Hippel-Lindau-Syndrom [91].

2.1.3 Histopathologische Einteilung nach WHO

Den größten Anteil der malignen Nierentumoren stellt mit 95% das Nierenzellkarzinom dar [53]. Das Nierenzellkarzinom geht vom Tubulusepithel der Nephrone aus. Urothelkarzinome des Nierenbeckens sind dagegen eher selten [83].

Der häufigste histologische Subtyp des Nierenzellkarzinoms macht mit circa 75-80% das klarzellige Nierenzellkarzinom aus [142]. Makroskopisch deutet eine helle, goldgelbe, teils mit nekrotischen und hämorrhagischen Arealen durchsetze Schnittfläche auf ein klarzelliges Nierenzellkarzinom hin [83]. Mikroskopisch zeigen sich nestartig angeordnete Tumorzellen mit klarem Zytoplasma [83].

9

Entsprechend der Leitlinie *Diagnostik, Therapie und Nachsorge des Nierenzellkarzinoms*, zuletzt aktualisiert im Februar 2023, werden alle Nierentumoren entsprechend der WHO-Klassifikation der Nierentumoren eingeteilt (Tab. 1). Dies gewährleistet eine genaue Einschätzung der Differenzierung des Tumors, sodass eine Anpassung der Therapie erfolgen und mögliche prognostische Aussagen getroffen werden können [104].

Tabelle 1: WHO-Klassifikation der Nierentumoren
modifiziert nach [122]

Epitheliale Nierenzelltumoren	Klarzelliges Nierenzellkarzinom
-	Multilokuläre zystische Neoplasie mit niedrigem Malignitätspotenzial
	Papilläres Nierenzellkarzinom
	Hereditäre-Leiomyomatose- und Nierenzellkarzinom-assoziiertes
	Nierenzellkarzinom
	Chromophobes Nierenzellkarzinom
	Sammelrohrkarzinom
	Medulläres Karzinom der Niere
	MiT-Familie der Translokationskarzinome
	Succinat-Dehydrogenase-defizientes Nierenzellkarzinom
	Muzinöses tubuläres und spindelzelliges Karzinom
	Erworbene Zystennieren-assoziiertes Nierenzellkarzinom
	Klarzelliges papilläres Nierenzellkarzinom
	Nierenkarzinom, nicht klassifiziert
	Papilläres Adenom
	Onkozytom
Metanephrische Tumoren	Metanephrisches Adenom
	Metanephrisches Adenofibrom
	Metanephrischer Stromatumor
Nephroblastische und	Nephrogene Reste
zystische Tumoren im	Nephroblastom
Kindesalter	Zystisches partiell differenziertes Nephroblastom
	Pädiatrisches zystisches Nephrom
Mesenchymale Tumoren	Hauptsächlich im Kindesalter:
	Klarzellsarkom
	Rhabdoidtumor
	Kongenitales mesoblastisches Nephrom
	Ossifizierender Nierentumor des Kindesalters
	Hauptsächlich bei Erwachsenen:
	Leiomyosarkom
	Angiosarkom
	Rhabdomyosarkom
	Osteosarkom
	Synoviales Sarkom
	Ewing-Sarkom
	Angiomyolipom

	Epitheloides Angiomyolipom
	Leiomyom
	Hämangiom
	Lymphangiom
	Hämangioblastom
	Juxtaglomerulärer Tumor
	Renomedullärer interstitieller Tumor
	Solitärer fibröser Tumor
Gemischte Epithel- und	Adultes zystisches Nephrom
Stromatumorfamilie	Gemischter Epithel- und Stromatumor
Neuroendokrine Tumoren	Hoch differenzierter neuroendokriner Tumor
	Großzelliges neuroendokrines Karzinom
	Kleinzelliges neuroendokrines Karzinom
	Paragangliom
Verschiedene Tumoren	Hämatopoetische Tumoren der Niere
	Keimzelltumoren
Metastasen	

2.1.4 Einteilung des Tumorstadiums

Zusätzlich zur histopathologischen Einteilung des Nierentumors erfolgt eine Klassifikation anhand des TNM-Systems (Tab. 2) und ein Grading des Tumors nach WHO und International Society of Uropathology (ISUP) (Tab. 3).

Tabelle 2: TNM-Klassifikation des Nierenzellkarzinoms 2017

 nach [10]

Prim	Primärtumor			
Т0		Kein Anhalt für Primärtumor		
T1		Tumor <= 7 cm in größter Ausdehnung, begrenzt auf die Niere		
	T1a	Tumor 4 cm oder weniger in größter Ausdehnung		
	T1b	Tumor mehr als 4 cm, aber nicht mehr als 7 cm in größter Ausdehnung		
T2		Tumor > 7 cm in größter Ausdehnung, begrenzt auf die Niere		
	T2a	Tumor mehr als 7 cm, aber nicht mehr als 10 cm in größter Ausdehnung		
	T2b	Tumor mehr als 10 cm in größter Ausdehnung		
Т3		Tumor breitet sich in größere Venen aus oder infiltriert direkt perirenales		
		Gewebe, jedoch nicht in ipsilaterale Nebenniere und nicht über die Gerota-		
		Faszie hinaus		
	T3a	Tumor mit makroskopischer Ausbreitung in die Nierenvene oder ihre		
		segmentalen Äste oder Tumor infiltriert perirenales oder peripelvines		
		Fettgewebe, aber nicht über die Gerota-Faszie hinaus.		

T3b	Tumor mit Ausbreitung in die Vena cava unterhalb des Zwerchfells			
T3c	Tumor mit Ausbreitung in die Vena cava oberhalb des Zwerchfells oder mit			
	Infiltration der Wand der Vena cava			
Т4	Tumor infiltriert über die Gerota-Faszie hinaus (eingeschlossen die			
	kontinuierliche Ausbreitung in die ipsilaterale Nebenniere)			
Regionale Lymphknotenmetastasen				
NX	Benachbarte (regionäre) Lymphknoten sind nicht beurteilbar			
N0	Kein Anhalt für benachbarte Lymphknotenmetastasen			
N1	Metastase in einem benachbarten Lymphknoten			
N2	Metastase in mehr als einem benachbarten Lymphknoten			
Fernmetastasen				
МХ	Vorliegen von Fernmetastasen kann nicht beurteilt werden			
M0	Kein Anhalt für Fernmetastasen			
M1	Fernmetastasen treten am häufigsten in der Lunge, im Skelett und in			
	den Lymphknoten, eher selten im Gehirn und in der Leber auf.			

Tabelle 3: Stadieneinteilung nach Union for International Cancer Control (UICC) 2017 (8. Version)

 nach [10]

UICC-Stadium	TNM
Stadium I	T1, M0, N0
Stadium II	T2, M0, N0
Stadium III	T3, M0, N0
	oder T1-T3, N1, M0
Stadium IV	T4 oder N2 oder M1

Mithilfe des Gradings wird die histopathologische Differenzierung des Tumorgewebes eingeteilt (Tab. 4). Je undifferenzierter das Tumorgewebe ist, desto höher ist die Gradingstufe. Das häufig benutze Fuhrman-System zur Graduierung von Nierenzellkarzinomen wurde 2015 durch das Grading nach World Health Organisation (WHO) und International Society of Uropathology (ISUP) ersetzt [123]. Die ISUP-Graduierung erfolgt ausschließlich durch Beurteilung der Nukleolen, wohingegen das Fuhrman-System auf der Beurteilung der Kerngröße, der Kernpolymorphie und der Größe des Nukleolus beruht [123]. **Tabelle 4:** Grading nach International Society of Uropathology (ISUP)

 modifiziert nach [123]

Grading	Beschreibung
G1	Fehlende oder unauffällige basophile Nukleolen bei 400-facher Vergrößerung
G2	Erkennbare und eosinophile Nukleolen bei 400-facher Vergrößerung; sichtbar,
	aber nicht prominent bei 100-facher Vergrößerung
G3	Erkennbare und eosinophile Nukleolen bei 100-facher Vergrößerung
G4	Extreme nukleäre Pleomorphie und/oder mehrkernige Riesenzellen und/oder
	rhabdoide und/oder sarkomatoide Differenzierung

2.1.5 Symptomatik

In frühen Stadien präsentiert sich das Nierenzellkarzinom oft symptomarm [83]. In der Vergangenheit wurden Patienten mit einem Nierenzellkarzinom durch persistierende Hämaturie, Flankenschmerzen und einen palpablen Nierentumor erstmals klinisch auffällig. Diese klassische Symptomtrias tritt heute nur noch bei weniger als 15% der Patienten auf [132]. Etwa 10-40% der Patienten mit Nierenzellkarzinomen entwickeln ein paraneoplastisches Syndrom mit möglichen endokrinen und systemischen Symptomen (Tab. 5) [132].

Tabelle 5: Mögliche Symptome eines paraneoplastischen Syndroms beim Nierenzellkarzinom

 modifiziert nach [132]

Endokrin	Systemisch
Hyperkalzämie	Amyloidose
arterielle Hypertonie	Anämie
Polyzythämie	Neuromyopathie
nicht-metabolische Leberinsuffizienz	Vaskulopathie
Galaktorrhoe	Nephropathie
Cushing-Syndrom	Koagulopathie
Veränderungen des Glukosestoffwechsels	Prostaglandinerhöhung

Durch die verbesserten technischen Möglichkeiten zur Bildgebung und den häufigen Einsatz von Ultraschallgeräten und CT- beziehungsweise MRT-Untersuchungen sind Nierenzellkarzinome häufig ein Zufallsbefund bei anderen diagnostischen Untersuchungen [83,102,121,161].

2.1.6 Diagnostik

Ein beträchtlicher Teil der Nierenzellkarzinome wird als Zufallsbefund bei Ultraschall oder CT-Untersuchungen diagnostiziert, die zur Abklärung einer anderen Problematik veranlasst wurden [10,88].

Bei Verdacht auf ein Nierenzellkarzinom erfolgt zunächst eine allgemeine körperliche Untersuchung, bei der auf einen palpablen Nierentumor, Flankenschmerzen und Lymphadenopathien geachtet wird. Eine Varikozele und/oder beidseitige Beinödeme können auf eine Gefäßinvasion des Tumors in die Vena Cava inferior mit resultierender unterer Einflussstauung hindeuten [10,62]. Zusätzlich sollte eine klassische B-Symptomatik mit Fieber, Gewichtsverlust und Nachtschweiß erfragt werden. Husten, eine generalisierte Lymphadenopathie und Knochenschmerzen mit eventuellen pathologischen Frakturen können auf eine Metastasierung hinweisen[10,62]. Bei der Urinuntersuchung ist eine Hämaturie möglich [10]. Laborchemisch werden die Nierenretentionsparameter zur Evaluation der Nierenfunktion bestimmt. Weitere Laborparameter können Entzündungsparameter, wie das C-reaktive Protein (CRP), Hämoglobin und ein großes Blutbild, Calcium, Gerinnungsstatus, die Laktatdehydrogenase (LDH) und Leberwerte, wie die alkalische Phosphatase (AP) und das Serumalbumin, sein [10,62].

Die Abdomensonographie als etablierter Teil einer primären Diagnostik wird zur Beurteilung der Nieren regelmäßig verwendet, um eine Aussage über Morphologie, Stauung oder mögliche Raumforderungen treffen zu können [66,68]. In der Sonographie sind kleinere Tumoren allerdings nicht adäquat darstellbar [86]. Durch kontrastmittelgestützte Ultraschalluntersuchungen kann die Zuverlässigkeit der Sonographie jedoch verbessert werden, da so eine differenzierte Perfusionsdarstellung möglich ist [33,68].

2.1.7 Prognose

Die Prognose bei Erkrankung an einem Nierenzellkarzinom ist von histopathologischen und klinischen Faktoren abhängig [10]. Zu den klinisch prognostischen Faktoren zählen der Performance Status, das Auftreten von Metastasen in Abhängigkeit von Zeitpunkt und Ort, Symptome, hämatologische Parameter (Hb-Wert, Anzahl der Thrombozyten, Neutrophilen) und LDH [104]. Generell bedeutet ein höheres Tumorstadium allerdings eine schlechte Prognose, das relative 5-Jahres-Überleben sinkt im UICC-Stadium IV rapide ab [53] (Abb. 2). Da etwa 50% der Diagnosen im niedrigen Tumorstadium I gestellt werden, ist die relative 5-Jahres-Überlebensrate für Nierenzellkarzinompatienten günstig. Sie liegt für Frauen bei 76 und für Männer bei 78% [53].

Abbildung 2: Relatives 5-Jahres-Überleben nach UICC-Stadium und Geschlecht modifiziert nach [53]



Es existieren derzeit zahlreiche Nomogramme zur individuellen Prognoseabschätzung, da das TNM-System bezüglich der Vorhersagekraft beim Nierenzellkarzinom zu ungenau ist [104]. Grundsätzlich kann bei den Nomogrammen in prä- und postoperative Nomogramme unterschieden werden [104]. Mithilfe der präoperativen Nomogramme soll eine Aussage über ein mögliches Rezidivrisiko nach Tumorentfernung getroffen werden können. Als wichtigstes präoperatives Nomogramm ist die Cindolo-Formel zu nennen [32].

Bei den postoperativen Nomogrammen sind verschiedene Endpunkte definiert und zur Beurteilung werden auch verschiedene Faktoren berücksichtigt (Tab. 6).

Nomogramm	Endpunkte	Faktoren im Modell
UCLA Integrated	Gesamt-/tumorspezifisches	- T-, N- und M-Kategorie
Staging System	Überleben,	- ECOG-Performance-Status
(UISS-Modell)	Progressionsfreiheit	- Fuhrman-Grad
SSIGN-Score	RCC-spezifisches	- T-, N- und M-Kategorie
	Überleben postoperativ	- Tumordurchmesser (> oder < 5 cm)
		- Fuhrman-Grad
		- Tumornekrose vorhanden
Leibovich-Score	metastasenfreies Überleben	- T- und N-Kategorie
	postoperativ	- Tumordurchmesser (> oder < 10 cm)
		- Fuhrman-Grad
		- Tumornekrose vorhanden
Kattan-	5-Jahres-progressionsfreies	- T-Kategorie
Nomogramm	Überleben postoperativ	- Tumordurchmesser
J		- Histologischer Subtyp
		- Symptome

Tabelle 6: Postoperative Nomogramme zur Risikobeurteilung bei Patienten mit Nierenzellkarzinom

 modifiziert nach [104]

2.1.8 Therapie

Die Therapie des Nierenzellkarzinoms ist entsprechend der aktuellen S3-Leitlinie von der Ausbreitung des Primärtumors abhängig, die mithilfe der T-Kategorie des TNM-Stadiums klassifiziert wird (Tab. 7). Grundsätzlich zu unterscheiden sind Therapieoptionen in einer nichtmetastasierten Situation im Vergleich zu einem bereits fortgeschritten Krankheitsstadium mit nachgewiesener Metastasierung.

Tabelle 7: Therapieempfehlung bei Nierenzellkarzinom entsprechend des Tumorstadiums

 modifiziert nach [104]

Primärtumor	Therapieempfehlung
T1 (lokal)	Nierenteilresektion
T2 (lokal)	Nierenteilresektion, wenn möglich (ansonsten Nephrektomie)
Т3	Nephrektomie (+ Lymphadenektomie bei N1)
T4 oder Metastasen	Systemtherapie

2.1.8.1 Therapie des nicht-metastasierten Nierenzellkarzinoms

Eine kurative Therapie kann alleine durch eine komplette Resektion des Tumors erfolgen und wird daher bei allen Patienten mit lokal begrenztem, resektablen Nierenzellkarzinomen empfohlen [104]. Als mögliche Folgen einer Nephrektomie werden eine chronische Niereninsuffizienz, die damit einhergehende erhöhte kardiovaskuläre Mortalität sowie ein verkürztes Überleben diskutiert [57,84,119,153,158]. Um diese Risiken gering zu halten, ist eine organerhaltende Nierenteilresektion immer einer Nephrektomie vorzuziehen, wenn dies technisch möglich ist [104]. Sowohl die Nephrektomie als auch die Nierenteilresektion können entweder laparoskopisch oder offen-chirurgisch durchgeführt werden. Bezüglich des Überlebens konnte kein Unterschied zwischen den OP-Verfahren festgestellt werden. Als Vorteile der Laparoskopie werden jedoch ein geringerer Blutverlust, kürzere Hospitalisierungsund Genesungszeiten, sowie ein niedrigerer Analgetikabedarf im Vergleich zur offenchirurgischen Technik aufgeführt [76]. Ein laparoskopisches OP-Verfahren stellt daher bei ausreichender Erfahrung des Operateurs eine Alternative zur offen-chirurgischen Operation dar [104]. Eine evidenzbasierte Empfehlung einer roboter-assistierten Operation kann derzeit noch nicht ausgesprochen werden [8].

Bei kleinen Nierentumoren (= SRM, small renal masses) mit einer Größe von weniger als 4 cm kann die Option der aktiven Überwachung ("Active Surveillance") gewählt werden, wenn eine operative Therapie durch den Patient oder die Patientin nicht gewünscht wird [104]. Diese Option besteht bisher nur für ein ausgewähltes Patientenkollektiv, wie beispielsweise für

Patienten mit weiteren Komorbiditäten, einem hohen Lebensalter oder einer bereits verkürzten Lebenserwartung [104]. Die aktive Überwachung beim Nierenzellkarzinom stellt keinen letztlich kurativen Therapieansatz dar [104]. Die Überwachung erfolgt beim Nierenzellkarzinom lediglich über das Wachstum und die Tumorgröße, da ein repräsentativer Tumormarker bisher fehlt [104].

Bei Patienten mit kleinen Nierentumoren und bereits vorhandenen Komorbiditäten oder eingeschränkter Lebenserwartung besteht ebenfalls die Möglichkeit, die Tumormasse durch Radiofrequenz- oder Kryoablation zu reduzieren [104]. Einen kurativen Therapieansatz stellt diese Option allerdings ebenfalls nicht dar. Vor der Ablationstherapie soll eine Tumorbiopsie erfolgen, da diese Therapieoption nur bei malignen Tumoren indiziert ist [104].

2.1.8.2. Therapie des metastasierten Nierenzellkarzinoms

Eine kurative Therapie des Nierenzellkarzinoms kann nur durch die komplette Exzision des Tumorgewebes erzielt werden, daher bedeutet ein metastasiertes Stadium der Krankheit meist eine palliative Situation [10]. Im Falle einzelner Metastasen kann eine chirurgische Entfernung weiterhin das Outcome verbessern, die komplette Exzision der Metastasen bedeutet ein verbessertes Überleben [38,39].

Sobald die Metastasierung so weit fortgeschritten ist, dass keine kurative Therapie durch eine zytoreduktive Therapie mehr angestrebt werden kann, wird eine systemische Therapie verabreicht [10]. Das Nierenzellkarzinom ist fast komplett resistent gegenüber den geläufigen Formen der Chemotherapie, die molekularen Mechanismen dieser Resistenz sind Bestandteil aktueller Forschung [5,22,104]. Bis Anfang der 2000er Jahre bestand die Therapie des Nierenzellkarzinoms daher aus der Zytokingabe von Interleukin-2 (IL-2) und Interferon alpha (IFN- α), womit auch ein verbessertes Überleben erzielt werden konnte [51,182]. Da das Ansprechen auf eine alleinige Gabe von IL-2 und IFN- α allerdings nur 15-25% betrug, wird derzeit laut der aktuellen Leitlinie eine alleinige Zytokintherapie nicht mehr empfohlen [104,144].

Mit der Einführung einer systemischen Therapie, anfänglich zunächst bestehend aus Tyrosinkinaseinhibitoren oder mTOR-Inhibitoren, später ergänzt durch Checkpointinhibitoren oder einer Kombination der Substanzen, konnte eine weitere Verbesserung des Outcomes erzielt werden (Tab. 8) [125,155].

17

Medikamentenklasse	Substanzen
Tyrosinkinaseinhibitoren	Sorafenib
	Sunitinib
	Pazopanib
	Axitinib
	Lenvatinib
	Cabozantinib
	Tivozanib
Checkpointinhibitoren	Pembrolizumab (PD-1-Inhibitor)
	Nivolumab (PD-1-Inhibitor)
	Ipilimumab (CTLA-4-Inhibitor)
mTOR-Inhibitoren	Everolimus
	Temsirolimus
anti-VEGF-Antikörper	Bevacizumab
Zytokine	Interleukin-2 (IL-2)
	Interferon alpha (IFN-α)

Tabelle 8: Zugelassene Medikamentenklassen f
 ür die Therapie des Nierenzellkarzinoms (
 Übersicht)

2.1.8.3 Zugrundeliegende molekulare Mechanismen der systemischen Therapie

Bei klarzelligen Nierenzellkarzinomen liegt in 50 bis 82% der Fälle eine Mutation des Von-Hippel-Lindau-Gens vor (VHL) [12,56,128]. Eine VHL-Mutation führt dazu, dass der Hypoxiainducible-Factor (HIF-1 α und HIF-2 α) akkumuliert. Physiologisch wird HIF durch einen E3-Ligase-Komplex mithilfe des VHL-Genprodukts, dem Protein pVHL, ubiquitiniert und damit für den proteasomalen Abbau markiert [91]. Durch das Fehlen des pVHL-Substrats wird HIF nicht mehr ubiquitiniert und daher nicht abgebaut.

HIF wirkt als Transkriptionsfaktor an Genen, die eine Adaption an akute oder chronische Hypoxie-Zustände der Zellen möglich machen [91]. Die VHL-Mutation führt somit zu autonomen Veränderungen der Tumorzellen in Bezug auf die Zellproliferation und -differenzierung, sowie einer gesteigerten Angiogenese (Abb. 3) [91]. **Abbildung 3:** Hypoxia-inducible Factor (HIF)-regulierte Prozesse modifiziert nach [91]





Die Akkumulation von HIF begünstigt eine Überexpression von Vascular Endothelial Growth Factor (VEGF) und Plateled Derived Growth Factor (PDGF), sodass im Tumorgewebe eine Neoangiogenese gefördert wird, obwohl dort Normoxie herrscht (Abb. 4) [134]. Dieser molekulare Mechanismus erklärt die makroskopische Hypervaskularisation bei klarzelligen Nierenzellkarzinomen [83]. Aufgrund der Aktivierung von Erythropoietin durch den Transkriptionsfaktor HIF wird auch die Erythropoese gesteigert [91,148].

Zusätzlich werden auch Gene aktiviert, die für den Glukosestoffwechsel der Zellen und die Glukoseaufnahme zuständig sind, wie Glukosetransporter, und Gene für die anaerobe Glykolyse, wie Pyruvatkinase und Laktatdehydrogenase [148]. So kann das Überleben der Tumorzellen verbessert werden.

Bei klarzelligen Nierenzellkarzinomen wirkt sich eine VHL-Mutation auch auf die Apoptose der Tumorzellen aus [91]. Für Zellen mit einem Verlust der VHL-Funktion konnte gezeigt werden, dass sie resistenter gegen eine Tumornekrosefaktor- α (TNF- α)-vermittelte Zytotoxizität sind, als Zellen, bei denen das VHL-Gen intakt ist [24].

Abbildung 4: Überexpression von VEGF und PDGF durch Akkumulation von HIF modifiziert nach [75]



Im Organismus aller Säugetiere gibt es verschiedene Signalwege, die durch Mechanistic Target of Rapamycin (mTOR) reguliert werden [99,169]. Dazu zählen beispielsweise die Proliferation, das Wachstum und das Überleben von Zellen [99,169,175]. mTOR hat auch eine Funktion in der Aktivierung des Hypoxia-inducible factos HIF-1 α in Tumorzellen und beeinflusst so die Neoangiogenese [85]. Die mTOR-Regulation ist vom Nährstoffangebot und weiteren Umwelteinflüssen abhängig, sodass Säugetiere auf unterschiedliche Gegebenheiten reagieren können [99].

Die meisten Tumorzellen nutzen den Mechanismus der Immunevasion, um einer gezielten Apoptoseinduktion durch körpereigene Immunzellen zu entgehen [97]. Aktivierte T-Zellen exprimieren auf ihrer Oberfläche den Programmed-Cell-Death-Receptor 1 (PD-1), der zur Induktion der Apoptose bei anderen Zellen dient. Physiologisch kann an den PD-1-Rezeptor ein Ligand (Programmed-Cell-Death-Receptor-Ligand 1 (PD-L1)) binden, der die Aktivität der T-Zellen herunterreguliert und so eine überschießende Immunantwort verhindert [48,93].

Tumorzellen präsentieren über den Major Histocompatibility Complex (MHC) tumorspezifische Antigene auf ihrer Zelloberfläche, die von aktivierten T-Zellen erkannt werden können [105]. Wenn die T-Zellen tumorassoziierte Antigene gebunden und prozessiert haben, kann dies zu einer antitumoralen Immunantwort der T-Zellen führen. Durch Freisetzung von zytotoxischen Mediatoren kann bei der Tumorzelle eine Apoptose induziert werden.

Für Tumorzellen konnte gezeigt werden, dass sie vermehrt PD-L1 auf ihrer Oberfläche exprimieren [181]. Indem sie an den Programmed-Cell-Death-Receptor 1 (PD-1) der Immunzellen binden, wird eine antitumorale Antwort der T-Zellen verhindert [139,160]. Diese Interaktion bewirkt physiologisch eine Herunterregulierung der T-Zell-Aktivität, sodass die körpereigene Immunabwehr geschwächt ist [23,93].

2.1.8.4 Wirkungsweise der systemischen Therapie



Abbildung 5: VHL-Inaktivierung beim klarzelligen Nierenzellkarzinom und Bedeutung für systemische Therapie modifiziert nach [83]

Durch Rezeptor-Tyrosinkinasen werden Pathways reguliert, die einen Einfluss auf die Proliferation, das Überleben, die Migration und die vaskuläre Permeabilität von Zellen haben (Abb. 5, Abb. 6) [58]. Anti-angiogenetische Medikamente wie Tyrosinkinaseinhibitoren und anti-VEGF-Antikörper hemmen die Bildung von neuen tumorversorgenden Blutgefäßen, sodass das Tumorwachstum aufgrund fehlender Nährstoffe stagniert (Abb. 6) [19,26]. Platelet-derived growth factor receptor (PDGFR) fungiert als Wachstumsfaktor, durch die Blockade des PDGFR wird somit auch das Wachstum und die Proliferation der Tumorzellen selbst gehemmt [74]. Das gleiche Prinzip gilt für den Fibroblast-derived growth factor receptor (FGFR), der ebenfalls das Wachstum und die Proliferation der Zellen positiv beeinflusst und durch Tyrosinkinaseinhibitoren in seiner Funktion gehemmt wird [131]. Folglich wird letztlich auch das Tumorzellwachstum inhibiert.

Für den VEGF-Antikörper Bevacizumab konnte auch gezeigt werden, dass er direkte Effekte auf die Tumorzellen selbst hat und zur verstärkten Apoptose der Tumorzellen führt (Abb. 7) [151,171].

Sunitinib als Tyrosinkinaseinhibitor hat ebenfalls einen Einfluss auf das Tumorzellüberleben und die Proliferation: Bei Zelllinien eines humanen Nebennierenrindenkarzinoms senkt Sunitinib die Zellviabilität und die Proliferation, während die Apoptoserate gesteigert wird [52,151].



Abbildung 6: Signaltransduktion von Tyrosinkinase-regulierten Prozessen modifiziert nach [58]

Sowohl Temsirolimus als auch Everolimus bilden mit dem intrazellulär vorliegenden Protein FKBP12 einen Komplex, der mTOR bindet (Abb. 7) [29,95,152]. Wenn mTOR im Komplex gebunden ist, kann es seiner Funktion als Serin-Threonin-Kinase nicht mehr nachkommen, die ein Teil des Downstream-Pathways von PI3-/Akt ist [146,175]. Durch die fehlende Translation zellzyklusregulierender Proteine bleibt die Zelle in der G1-Phase des Zellzyklus stehen [69,120]. Zusätzlich zur Proliferations- und Wachstumshemmung hat die mTOR-Blockade auch einen Effekt auf die Produktion von angiogeneseregulierenden Proteinen, sodass eine Hemmung von mTOR auch einen inhibierenden Effekt auf die Angiogenese hat [133].

Die so genannten Checkpointinhibitoren blockieren wahlweise entweder PD-1 oder PD-L1, sodass die T-Zellen weiter aktiv bleiben und die Tumorzellen durch das Immunsystem eliminiert werden können [97]. Die Blockade des Cytotoxic T-Lymphocyte-associated Protein 4 (CTLA-4) auf Tumorzellen erzielt den gleichen Effekt wie die Blockade des PD-1-Rezeptors und steigert die körpereigene Tumorabwehr [101,176].

Abbildung 7: Angriffspunkte der systemischen Therapie modifiziert nach [30]



2.1.8.5 Therapieschemata

Die systemische Therapie des Nierenzellkarzinoms ist von der individuellen Risikokonstellation der Patienten abhängig. Für die Risikobewertung gibt es verschiedene Modelle, das geläufigste ist allerdings die Risikobewertung nach MSKCC (Tab. 9) [104,124].

Tabelle 9: Evaluation des individuellen Risikoprofils anhand der Motzer-Kriterien (MSKCC-Score)
modifiziert nach [77, 104, 124]

Risikofaktoren	Grenzwert
Karnofsky Performance Status	< 80 %
LDH	> 1,5 über dem Normwert
Hämoglobin	unter dem Normwert
Erhöhtes korrigiertes Serumkalzium	> 10 mg/dl
Zeitraum von der Erstdiagnose bis Beginn	< 1 Jahr
der systemischen Therapie	

Risikoprofil	Anzahl der Risikofaktoren
Niedrig	0
Intermediär	1 – 2
Ungünstig	ab 3

Entsprechend der Evaluation des Risikoprofils erfolgt dann die systemische Therapie (Tab. 10

+ 11).

Tabelle 10: Systemtherapieoptionen gemäß Risikoprofil in der Erstlinientherapie des Nierenzellkarzinoms modifiziert nach [103]

Risikoprofil	Standardempfehlung	Option
Niedrig	Cabozantinib + Nivolumab	Bevazizumab + IFN
	Pembrolizumab + Axitinib	Pazopanib
	Pembrolizumab + Lenvatinib	Sunitinib
	Avelumab + Axitinib	Tivozanib
Intermediär	Cabozantinib + Nivolumab	Cabozantinib
	Ipilimumab + Nivolumab	Sunitinib
	Pembrolizumab + Axitinib	Pazopanib
	Pembrolizumab + Lenvatinib	Tivozanib
	Avelumab + Axitinib	Bevazizumab + IFN
Ungünstig	Cabozantinib + Nivolumab Ipilimumab + Nivolumab Pembrolizumab + Axitinib Pembrolizumab + Lenvatinib Avelumab + Axitinib	Cabozantinib Sunitinib Temsirolimus Pazopanib

Tabelle 11: Systemtherapieoptionen gemäß Vortherapie in der Zweitlinientherapie des Nierenzellkarzinoms modifiziert nach [104]

Vortherapie	Standardempfehlung	Option
	Cabozantinib	Lenvatinib + Everolimus
VEGF/R-Inflibitor	Nivolumab	Alternativ anderer TKI
Checkpointinhibitor	-	TKI-basierte Therapie
Kombination CPI/TKI	-	TKI-basierte Therapie
Temsirolimus	-	ТКІ
		Nivolumab

2.1.9 Spezifische Wirkung von Pazopanib

Pazopanib ist ein Tyrosinkinaseinhibitor, der im Jahr 2010 von der Europäischen Arzneimittelagentur (EMA) für die Therapie des metastasierten Nierenzellkarzinoms zugelassen wurde. Oral eingenommen hemmt Pazopanib die Angiogenese in Tumorgewebe über eine Wirkung an mehreren pro-angiogenetischen Pathways (Abb. 8) [156]. Pazopanib inhibiert den Vascular Endothelial Growth Factor Receptor (VEGFR) Typ 1 bis 3, den Platelet Derived Growth Factor Receptor (PDGFR) Typ α und β , sowie den Stammzellrezeptor c-KIT [154].





PDGFR ist als hauptsächlich parakrin agierender Wachstumsfaktor in Signalwege involviert, die die Zellproliferation, -differenzierung und -migration stimulieren [6]. Analog dazu bewirkt eine Aktivierung der durch VEGFR regulierten Signalwege das Wachstum und die Migration von Endothelzellen, sowie ein verbessertes Überleben bereits existierender Endothelzellen [78]. Eine Hemmung der beiden Tyrosinkinasen durch Pazopanib führt daher zu einer verminderten Proliferation und Migration der Tumorzellen, sowie zu einem verringerten Tumorzellüberleben. Als Proto-Onkogen ist der Stammrellrezeptors c-KIT (CD117) für die Entwicklung und das Überleben von Zellen zuständig, indem es den Stat5-P13Akt-Signalweg aktiviert (Abb. 9) [36,177].

Nach Bindung des Stammzellfaktors kann der Rezeptor-Liganden-Komplex durch Autophosphorylierung eine Signaltransduktionskette stimulieren, die zur Differenzierung und Proliferation von Mastzellen führt und anti-apoptotische Effekte auf die Zellen hat [36,96]. Zusätzlich trägt c-KIT zum Stammzell-Erhalt und zur Stammzell-Differenzierung bei [1,130]. Eine Blockade von c-KIT führt daher ebenfalls zu einem verminderten Zellüberleben, einer geringeren Zellproliferation und abnehmender Migration und Invasion.



Abbildung 9: Rolle von c-KIT in der Signaltransduktion und Hemmung durch TKIs modifiziert nach [1]

2.1.10 Entwicklung einer Therapieresistenz unter Behandlung mit Tyrosinkinaseinhibitoren

Bei der Therapie mit Tyrosinkinaseinhibitoren kommt es bei quasi allen Patienten nach einem Median von 6 bis 15 Monaten zur Entwicklung einer Medikamentenresistenz [16,19,143]. Die zugrundeliegenden Mechanismen der Resistenzentwicklung gegen Tyrosinkinaseinhibitoren sind Bestandteil aktueller Forschung und Thema dieser Promotionsarbeit. Grundsätzlich kann bei der Therapieresistenz eines Tumors in adaptive und intrinsische Resistenzmechanismen unterschieden werden [16,116].

Eine Möglichkeit zur Erklärung der Resistenz gegen Tyrosinkinaseinhibitoren ist das Umgehen der anti-angiogenetischen Effekte, auch als "Angiogenic Switch" bezeichnet [20]. Indem alternative proangiogenetische Pathways vermehrt aktiviert werden, kann die Sauerstoff- und Nährstoffversorgung des Tumors weiterhin gewährleistet werden [9,25]. Die spezifische Hemmung eines einzelnen Pathways durch die TKIs erfolgt zwar weiterhin, der anti-angiogenetische Effekt ist allerdings langfristig nur sehr niedrig. Hinzu kommt, dass eine Resistenz gegen TKIs transient ist: Nachdem das Medikament für 12 Wochen abgesetzt worden ist, erreichen Tumorzellen in der Zellkultur wieder die ursprüngliche Sensibilität gegen TKIs [59,60].

Als weitere Möglichkeit gilt die verringerte Wirksamkeit der Tyrosinkinaseinhibitoren durch eine Aufnahme und Sequestration der TKIs [59,116]. Indem Lysosomen resistenter Nierenzellkarzinome die TKIs aufnehmen, wird der Wirkstoff intrazellulär in Tumorzellen deutlich erhöht [59,60]. Die Wirkstoffkonzentration ist damit intrazellulär etwa 10 bis 30 mal so hoch, während sie im Plasma deutlich verringert ist [59].

Alternativ wird auch die Mikroumgebung des Tumors als Ursache für eine Resistenzentwicklung diskutiert. Aufgrund der anti-angiogenetischen Therapie herrscht im Tumorgewebe aus Mangel an tumorversorgenden Blutgefäßen eine Hypoxie. Dies führt zu einem Anstieg von Progenitorzellen aus dem Knochenmark (Englisch: bone marrow-derived cells = BMDC), die die Neovaskularisation des Tumorgewebes vorantreiben können [9,149].

Durch eine erhöhte Dichte von Perizyten um tumorversorgende Blutgefäße kann die Stabilität und Funktion bereits existierender Blutgefäße verbessert werden, sodass sie von einer antiangiogenetischen Therapie weniger stark beeinträchtigt werden [15,116]. Tumorgefäße, die von weniger Perizyten umhüllt sind, zeigen eine stärkere Einschränkung durch eine antiangiogenetische Therapie [15]. Durch das "Perizyten-Recruitment" kann die Vaskularisation des Tumors trotz VEGF-Blockade aufrechterhalten werden [15,16].

Eine weitere Erklärung für die Entwicklung einer Resistenz ist die Hochregulation anderer Pathways oder Proteine, um die Blockade der Rezeptortyrosinkinasen zu umgehen [143]. Die durch VEGFR und PDFGR stimulierten Signalwege für Proliferation, Migration und Überleben der Tumorzellen werden zusätzlich auch durch andere Proteine und Signalwege angesteuert. Indem diese alternativen Pathways vermehrt stimuliert werden, kann die funktionelle VEGFRund PDGFR-Blockade umgangen, und die hemmenden Effekte auf die Tumorzellproliferation, -migration und das Tumorzellüberleben abgemildert oder aufgehoben werden [25].

Mutationen in den Endothelzellen als Ursache einer Resistenz gegen Tyrosinkinaseinhibitoren werden dahingegen als eher unwahrscheinlich erachtet [143]. Die primäre Zielstruktur der TKIs, der VEGF-Rezeptor, wird auf allen Tumorendothelzellen exprimiert. Eine Mutation müsste im VEGFR-Gen jeder Endothelzelle vorliegen, um eine Resistenz der gesamten Tumormasse hervorzurufen, was fast ausgeschlossen ist [143].

2.2 Extrazelluläre Vesikel

2.2.1 Aufbau und Synthese von extrazellulären Vesikeln

Extrazelluläre Vesikel sind Partikel mit einer Größe von 30 bis 5000 nm, die sowohl von körpereigenen als auch von Tumorzellen zur interzellulären Kommunikation sezerniert werden [79,166]. Der Begriff extrazelluläre Vesikel umfasst die großen extrazellulären Vesikel (150 bis 5000 nm), die auch als Mikrovesikel oder large extracellular vesicles (large EVs) bezeichnet werden, und die kleinen extrazellulären Vesikel (30 bis 150 nm), die auch als Exosomen oder small extracellular vesicles (small EVs) bezeichnet werden [137]. In dieser Arbeit wird der Begriff Exosomen verwendet, um kleine extrazelluläre Vesikel mit einer charakteristischen Größe von 30 bis 150 nm zu beschreiben.

Exosomen werden aktiv gebildet und durch das endosomale System prozessiert, wohingegen Mikrovesikel durch Abschnürungen der Plasmamembran entstehen (Abb. 10) [166].

Frühe Endosomen werden auch als multivesikuläre Körper (Englisch: multivesicular Body, MVB) oder multivesikuläre Endosomen (MVE) bezeichnet [166]. Während der Reifung der MVEs werden Teile der MVE-Membran nach innen abgeschnürt, sodass so genannte intraluminale Vesikel (ILV) entstehen [108,137]. Nach Reifung der MVEs werden bei Verschmelzung der MVE-Membran mit der Zellmembran die ILVs, dann Exosomen genannt, aus der Zelle freigesetzt. Im Falle einer Verschmelzung des reifen MVEs mit einem Lysosom kommt es zur Destruktion des MVEs und der enthaltenen ILVs [3].



Abbildung 10: Synthese und Sekretion von Exosomen modifiziert nach [137]

Für die Synthese von Exosomen sind zwei Prozesse essentiell. Bestandteile dieser Prozesse dienen als so genannte exosomale Marker zur Identifizierung oder Definition von Exosomen [3]. Dazu zählen die Tetraspanine CD9 und CD63 sowie das Protein Alix [89,168].

Alix verbindet verschiedene Bestandteile eines Komplexes, der für das Ausknospen der EV-Membran zuständig ist [3]. Von diesem Komplex, der endosomal sorting complex required for transport (ESCRT), gibt es verschiedene Untergruppen, die primär das Abschnüren der EV-Membran (ESCRT I und II) oder das Fertigstellen der Abschnürung (ESCRT III) antreiben. Alix verbindet ESCRT I und II mit ESCRT III und stellt somit ein Marker für Exosomen dar.

Tetraspanine bestehen aus jeweils vier Transmembranproteinen, die durch variable Bindeglieder miteinander verbunden sind [3]. Die Variabilität der Bindeglieder definiert spezifische Interaktionen zwischen Proteinen, die für das Ausknospen der IVL-Membran zuständig sind. Auf der Membran der Endosomen gibt es Regionen, die eine hohe Dichte an Tetraspaninen besitzen und daher tetraspanin enriched microdomains (TEM) genannt werden. Durch die TEMs werden Proteine, die für die IVL-Knospung gebraucht werden, mithilfe der Protein-Protein-Interaktionen organisiert. Zwei wichtige Tetraspanine für die Synthese von IVLs sind CD9 und CD63, die daher als exosomale Marker dienen können.

Exosomen werden umhüllt von einer Doppellipidschicht und können eine Vielzahl an Proteinen, Lipiden, Kohlenhydraten und Nucleinsäuren beinhalten (Abb. 11) [178].

Beispiele für häufig vertretene exosomale Proteine sind Alix, TSG101, Hitzeschockproteine wie HSP70, Proteinkinasen und G-Proteine, die Tetraspanine CD9, CD63, CD81 und Oberflächenantigene der Klasse MHC I und II [117]. Enzyme aus dem Zellstoffwechsel, wie GAPDH, sind ebenfalls in den Exosomen zu finden [117].

Lipide spiegeln generell die Lipidkomposition der Ausgangszelle wieder, wobei einige Lipide jeweils vermehrt in Exosomen zu finden sind [2]. Für Glycosphingolipide, Spingomyelin, Cholesterin und Phosphatidylserin konnte gezeigt werden, dass sie in Exosomen angereichert sind [110].

In geringen Anteilen enthalten Exosomen DNA, wie genomische und mitochondriale DNA [2,64,170]. Der Großteil der Nucleinsäuren in Exosomen stellen allerdings kleine RNAs dar [2]. Dazu zählen messenger RNA (mRNA), micro RNA (miRNA), ribosomale RNA (rRNA), lange und kurze non-coding RNA, transfer-RNA-Fragmente (tRNA), piwi-interacting RNA, vault RNA und Y RNA [2]. Im Vergleich zu der Gesamt-RNA der Exosomen stellen miRNA und tRNA-Fragmente anteilig etwa 15% dar [14,178]. Die Menge der enthaltenen RNA in Exosomen ist von der Ursprungszelle abhängig [178].

Abbildung 11: Aufbau und Zusammensetzung von Exosomen modifiziert nach [108]



Die Aufnahme von Exosomen in eine Empfängerzelle kann über verschiedene Mechanismen erfolgen (Abb. 12) [166]. Abhängig von unterschiedlichen Oberflächenantigenen der Exosomen können sie in die Zelle aufgenommen werden oder an der Oberfläche der Zelle anhaften bleiben [166]. Mögliche Mechanismen zur Aufnahme von Exosomen in die Zelle sind Clathrin-abhängige Endozytose oder Clathrin-unabhängige Endozytoseformen, wie Makropinozytose, Phagozytose, oder Endozytose mittels Caveolae oder Lipid Rafts [2,43,126,159,166].

Im Rahmen der Clathrin-abhängigen Endozytose verformen Clathrin-umhüllte Vesikel die Zellmembran, die dann nach intrazellulär aussprosst, reift und sich von der Zellmembran löst [126]. Die Clathrin-ummantelten Vesikel werden dann durch Uncoating von Clathrin gelöst und fusionieren mit dem Endosom, wo der Inhalt der Vesikel freigegeben wird [94,126].

Bei der Phagozytose wird eine Rho-GTPase-vermittelte Signalkaskade aktiviert, die Aktin dazu stimuliert sich an der Zelloberfläche abzusammeln [34,67]. Das Aktin bildet dann Ausstülpungen der Zellmembran, die die Exosomen faustschlussartig umhüllen und in die Zelle aufnehmen [34].

Eine Aufnahme von Exosomen durch Makropinozytose wird ebenfalls durch eine Rho-GTPase-vermittelte Signalkaskade gesteuert [34]. Hier werden die Exosomen allerdings nicht durch die Ausstülpungen der Zellmembran umfasst, sondern durch eine große Aktinvermittelte Ausbuchtung der Zellmembran bedeckt, die über den Exosomen zusammenfällt und sie so einschließt [166]. Die Ausstülpung der Zellmembran fusioniert dann mit der Zellmembran, um ein endozytotisches Vesikel zu bilden, mit dem größere Mengen an Exosomen aufgenommen werden können.

Abbildung 12: Aufnahme von Exosomen in die Empfängerzelle modifiziert nach [166]



Caveolae sind kleine Invaginationen der Zellmembran, die mit dem Protein Caveolin ausgekleidet sind [34]. Caveolin ist essentiell für die Ausbildung der Caveolae: Durch Oligomerisation des Caveolins wird die Bildung von Caveolin-angereicherten Rafts der Zellmembran angeregt [40]. Nach einer Aktivierung der Caveolae werden die Membraninvaginationen zusammen mit den enthaltenen Vesikeln in die Zelle aufgenommen [34,126].

Lipid Rafts sind spezielle Regionen der Zellmembran mit einer veränderten Phospholipidzusammensetzung [126]. Clathrin-unabhängige Endozytose ist von Cholesterin abhängig, sodass in den Bereichen der Caveolae und Lipid Rafts Cholesterin angereichert ist [126]. Rafts können in den Membraninvaginationen gefunden werden, die durch Caveolin oder das Protein Flotillin gebildet werden. Flotillin vermittelt eine Caveolin- und Clathrin-unabhängige Endozytose [55,126].

Die in den Exosomen enthaltenen Komponenten werden nach Aufnahme in die Empfängerzellen freigesetzt.

2.2.2 Funktionen von extrazellulären Vesikeln

Exosomen spiegeln einen Teil der Zelle wieder, aus der sie sezerniert wurden und sind in allen Körperflüssigkeiten, wie Blut, Urin, Speichel, Aszites, Liquor und Muttermilch nachweisbar [108,168]. Sie können Proteine, Lipide, DNA, mRNA und nicht-kodierende Nucleinsäuren, wie miRNA, transportieren [168,178]. Der Inhalt der Exosomen ist dabei nicht nur vom Zelltyp, sondern auch vom Ursprung der Zelle abhängig [44,92]. Im Gegensatz zu der früheren

Hypothese, extrazelluläre Vesikel würden nur dazu dienen, fehlgefaltete Proteine und weiteren Zellschrott aus den Zellen zu befördern, wurden den EVs in den letzten Jahren zahlreiche Funktionen zugeschrieben [168].

Extrazelluläre Vesikel dienen der Zell-Zell-Kommunikation. Dies funktioniert über einen Transport von Molekülen innerhalb der Vesikel, die die Physiologie einer Zelle beeinflussen können [108,168]. Das Ausmaß und die Bedeutung der Zell-Zell-Kommunikation über exosomalen Transport wird derzeit noch ausgiebig erforscht und diskutiert.

Eine mögliche Bedeutung der exosomalen interzellulären Kommunikation ist die Immunregulation. Beispielsweise wurde eine Expression des Programmed Cell Death Receptor-Liganden 1 (PD-L1) auf Exosomen eines Melanoms nachgewiesen, was zu einer Immunsuppression im Sinne einer verminderten T-Zell-Reaktion auf Tumorzellen führen kann [27].

Zusätzlich kann durch Transport von RNA in Exosomen die Produktion von Proteinen in Empfängerzellen moduliert werden, über eine spezifische Rezeptor-Liganden-Bindung kann so auch ein gezielter Transport erfolgen [162]. Die hohe Spezifität der Rezeptor-Liganden-Interaktion könnte auch eine Kommunikation zwischen Zellen ermöglichen, die im Körper weit voneinander entfernt liegen [168].

Die erhöhte Konzentration von miRNAs in Exosomen im Vergleich zur miRNA-Konzentration der Ursprungszelle lässt auf eine gezielte Verpackung von miRNA in Exosomen schließen [162]. In Kombination mit einer spezifischen Ansteuerung der Zielzellen über Rezeptor-Liganden-Interaktion kann so die Genexpression aller Zielzellen in einem kurzen Zeitraum geändert werden [168].

2.2.3 Rolle von extrazellulären Vesikeln bei der Entwicklung einer Therapieresistenz

Die Verschickung von miRNAs mittels Exosomen wird auch als Möglichkeit zur Resistenzentwicklung gegen Chemotherapien diskutiert [11].

Der Mechanismus des interzellulären Austauschs über Exosomen kann von medikamentenresistenten Tumorzellen möglicherweise auch genutzt werden, um die z.T. genetische Information der Resistenz an andere Tumorzellen weiterzugeben [35]. Durch den exosomalen Transport von Proteinen wie dem P-Glykoprotein, die bei Resistenzmechanismen eine Rolle spielen, kann die Therapieresistenz weitergegeben werden. Der Transport von P-Glykoprotein Exosomen wurde beispielsweise bei medikamentenresistenten in Mammakarzinom-Zellen nachgewiesen [114].

Medikamentenresistente Tumorzellen können über die Verpackung von Chemotherapeutika in so genannte tumor-derived exosomes (TDE) die Wirkstoffkonzentration im Tumorgewebe erheblich senken [145].

32

Für das Mammakarzinom wurde ebenfalls nachgewiesen, dass Exosomen, die von Tamoxifen-resistenten Tumorzellen sezerniert wurden, bei Tumorzellen eine Chemotherapieresistenz verstärken können [172].

In Bezug auf das Nierenzellkarzinom konnte für die Resistenz gegen den Tyrosinkinaseinhibitor Sunitinib gezeigt werden, dass eine Therapieresistenz über lange nichtkodierende RNA (IncRNA) vermittelt wird (Abb. 13) [140].

Die IncRNA, in diesem Fall IncARSR (IncRNA Activated in RCC with Sunitinib Resistance) genannt, wird in Sunitinib-resistenten Zellen im Vergleich zu Sunitinib-sensitiven Zellen vermehrt gefunden. Über eine kompetitive Bindung der miRNA-34 und miRNA-449 werden AXL/c-MET hochreguliert, was zu einer konsekutiven Aktivierung der STAT3, AKT, und ERK-Signalwege führt. Diese Signalwege fördern das Wachstum, das Überleben und die Stoffwechselfunktionen von Tumorzellen [7,118]. Es wurde nachgewiesen, dass die Resistenz über exosomalen Transport von IncARSR auf sensitive Zellen übertragen werden kann [140].

Abbildung 13: Übertragung der Sunitinib-Resistenz durch exosomalen Transport von IncARSR modifiziert nach [140]



3. Zielstellung

Das Nierenzellkarzinom ist eine der zehn häufigsten Tumorerkrankungen in Deutschland [53]. Obwohl der Großteil der Neudiagnosen in frühen Tumorstadien gestellt werden, befinden sich 16 bis 20% der erstdiagnostizierten Nierenzellkarzinompatienten bereits im metastasierten Tumorstadium IV nach UICC [53]. Im Tumorstadium IV ist die Prognose schlecht, die 5-Jahres-Überlebensrate fällt von 75% im Tumorstadium III auf 15 bis 17% im Tumorstadium IV ab [53]. Eine gezielte systemische Therapie ist daher von enormer Bedeutung für eine Verbesserung der Prognose. Leider entwickeln nahezu alle Patienten nach durchschnittlich 6 bis 15 Monaten eine Therapieresistenz gegen die anti-angiogenetischen Medikamente [143]. Ein dauerhafter Therapieerfolg konnte deshalb bisher nicht erzielt werden.

Das Ziel dieser Dissertation ist es, zu klären, ob Exosomen die Resistenz gegen den Tyrosinkinaseinhibitor Pazopanib vermitteln können.

Dabei sollten folgende Aufgabenstellungen bearbeitet werden:

1. Bestätigung der Resistenz gegen Pazopanib in der Zelllinie 786-O nach Langzeitbehandlung

2. Isolation und Charakterisierung der Exosomen von Pazopanib-sensitiven und Pazopanibresistenten 786-O-Zellen

3. Nachweis der Aufnahme von Exosomen resistenter 786-O-Zellen in sensitiven Zellen

4. Analyse der Effekte der Exosomen resistenter 786-O-Zellen auf die Zellviabilität sensitiver Zellen

Die Ergebnisse dieser Dissertation sollen als Teil eines größeren Projekts dazu beitragen, die Mechanismen der Resistenzentwicklung besser zu verstehen. Zusammen mit den Ergebnissen drei weiterer Promotionsarbeiten soll die Frage geklärt werden, ob eine Resistenzübertragung über Exosomen ein alternativer Mechanismus für eine Resistenzentwicklung darstellt. Über das bessere Verständnis der Resistenzmechanismen kann dies auch einen neuen Ansatz für die Entwicklung von Biomarkern und neuen therapeutischen Ansätzen darstellen.

4. Material und Methoden

4.1 Material

4.1.1 Lösungen und Medien für die Zellkultur

Material	Hersteller
DMEM	Thermo Fisher Scientific, Waltham, USA
RPMI-1640	Thermo Fisher Scientific, Waltham, USA
Trypsin	Thermo Fisher Scientific, Waltham, USA
DPBS	Thermo Fisher Scientific, Waltham, USA
Trypanblau-Lösung, 0.4%	Sigma Aldrich, St.Louis, USA
Fetales Kälberserum (FCS)	Sigma Aldrich, St.Louis, USA
Penicillin/Streptomycin	Sigma Aldrich, St.Louis, USA
WST-1 cell proliferation reagent	Roche Life Science, Penzberg,
	Deutschland
DMSO Research Grade	SERVA Electrophoresis GmbH,
	Heidelberg, Deutschland
Pazopanib HCI (10 mM in 1 ml DMSO)	Selleckchem, Houston, USA

4.1.2 Verbrauchsmaterialien

	Material	Hersteller
Pipettenspitzen	Ultratip	Greiner Bio-One, Kremsmünster,
	0,1 - 10 µl, 10 - 200 µl,100 - 1200 µl	Österreich
	Sapphire Filterspitze	Greiner Bio-One, Kremsmünster,
	10 µl, 100 µl	Österreich
	MultiTray® Ratiolab	Ratiolab, Dreieich, Deutschland
Serologische Pipetten	1 ml, 2 ml	Corning, New York, USA
	5 ml, 10 ml, 25 ml	Greiner Bio-One, Kremsmünster,
		Österreich
Pasteurpipetten	Disposable Glass Pasteur Pipettes	VWR International, Radnor, USA
	230 mm	
	Disposable Glass Pasteur Pipettes	VWR International, Radnor, USA
	150 mm	
Reaktionsgefäße	Eppendorf Tubes®	Eppendorf, Hamburg, Deutschland
	0,5 ml, 1,5 ml, 2 ml, 5 ml	
Zentrifugenröhrchen	Rundbodenzentrifugenröhrchen	Greiner Bio-One, Kremsmünster,
	12 ml	Österreich
	CELLSTAR® Zentrifugenröhrchen	Greiner Bio-One, Kremsmünster,
	mit konischem Boden 15 ml, 50 ml	Österreich
Ultrazentrifugenröhrchen	Bottle Polycarbonate, 26,3 ml	Beckman Coulter, Brea, USA
	Cap + O-Ring for Polycarbonate	Beckman Coulter, Brea, USA
	26,3 ml	
Zellkulturflaschen	CELLSTAR® TC Zellkulturflaschen	Greiner Bio-One, Kremsmünster,
25 cm ² und 75 cm ²	mit Filterschraubverschluss	Österreich
Zellkulturflasche	Nunc™ TripleFlask™ Treated Cell	Thermo Fisher Scientific, Waltham,
500 cm ²	Culture Flasks	USA
Filter	Stericup-GP 0,22 µm, 250 ml	Merck, Darmstadt, Deutschland
Petrischale	Easy Grip Tissue Culture Dish	Corning, New York, USA
12-Well-Mikrotiterplatte	Corning® Costar® TC-behandelte	Corning, New York, USA
	Multiwellplatten	
96-Well-Mikrotiterplatte	Falcon™ Tissue Culture Plate, 96	Corning, New York, USA
	Well	
Objektträger	4-Well-Objektträger	Corning, New York, USA
Spitzen für Stepper	Combitips® advanced	Eppendorf, Hamburg, Deutschland
4.1.3 SDS-Page und Immunoblotting

	Material	Hersteller
Milchpulver	Skim Milk Powder for blotting	SERVA Electrophoresis GmbH,
		Heidelberg, Deutschland
BSA	Bovine Serum Albumine	Sigma Aldrich, St. Louis, USA
Tween 20		SERVA Electrophoresis GmbH,
		Heidelberg, Deutschland
Tris	10x Tris/Glycine/SDS	Biorad, Hercules, USA
Natriumchlorid	Sodium Chloride Tris	SERVA Electrophoresis GmbH,
	electrophoresis grade	Heidelberg, Deutschland
Protease-Inhibitor-Cocktail	cOmplete [™] -ULTRA-Mini-Tabl.,	Roche Life Science, Penzberg,
	Protease-Inhibitor-Cocktail	Deutschland
Marker	PageRuler™ Prestained Protein	Thermo Fisher Scientific, Waltham,
	Ladder	USA
Blotting Membrane PVDF	Serva Fluorobind Membrane	SERVA Electrophoresis GmbH,
	Surface PVDF Pore Size 0,2 µm	Heidelberg, Deutschland
Polyacrylamidgel	Mini PROTEAN TGX Gel 4-15%	Biorad, Hercules, USA
Laufkammer	Biorad Mini-PROTEAN 3 Cell	Biorad, Hercules, USA
Chemolumineszenz	Pierce ECL Western Blotting	Thermo Fisher Scientific, Waltham,
	Substance	USA

4.1.4 Antikörper

Bezeichnung	Hersteller			
Primärantikörper				
α-CD81	Abcam, Cambridge, Großbritannien			
α-CD63	JSR Life Sciences, Sunnyvale, USA			
α-GAPDH	Cell Signaling Technology, Danvers, USA			
α-Syntenin	Abcam, Cambridge, Großbritannien			
α-Axl	Cell Signaling Technology, Danvers, USA			
α-Met	Cell Signaling Technology, Danvers, USA			
α-GM130	Cell Signaling Technology, Danvers, USA			
Sekundärantikörp	er			
α-Mouse	Cell Signaling Technology, Danvers, USA			
α-Rabbit	Cell Signaling Technology, Danvers, USA			

4.1.5 Allgemeine Puffer und Lösungen

Puffer/Lösung	Reagenz	Menge
Lysepuffer	TRIS pH 7,6	50 mM
1X Tris-Triton-Puffer pH 7.4	NaCl	150 mM
(für Plasmamembran- und Zytoskelettproteine)	CHAPS	1%
	SDS	0,1%
Aliquotieren des Lysepuffers und Aufbewahrung bis zur	TritonX-100	1%
weiteren Verwendung bei -20°C		
10X Protease-Inhibitor-Cocktail	Protease-Inhibitor-	1 Tablette
	Cocktail	10 ml
	dH ₂ O	
Complete Lysis Buffer	1X Tris-Triton	2 ml Lösung
	Puffer pH 7.4	180 µl
	1X Tris-TritonX-	20 µl
	100	
	10X Protease-	
	Inhibitor-Cocktail	
10X TBsT (Tris buffered Saline Tween 20)	dH₂O	1 Liter
pH 7,6	NaCl 1,5 M	88 g
	Tris 200 mM, pH	24.2 g
	7,6	10 ml
	Tween 20	Auffüllen (finales Volumen 1 Liter)
	(dH ₂ O)	
10X Laufpuffer	Tris 250 mM	30,27 g
	Glycin 1,9 M	144 g
	SDS 1%	10 g
	dH ₂ O	
5% Milch	TBsT	100 ml
	Skim milk powder	5 g
5% BSA (Bovine serum albumine)	TBsT	100 ml
	BSA powder	5 g
1X Transferpuffer	Glycin	39 mM
	Tris	48 mM
	SDS	0,01%
	Methanol 15%	150 ml
1X PBS 0,1% Triton X (PBST)	PBS	100 ml
	Triton X	100 μl

1X Blockierpuffer	PBST	10 ml
	BSA 3%	0,3 g
Paraformaldehyd 4% in PBS (methanolfrei)	1X PBS	9,6 ml
	PFA	0,4 ml

4.1.6 Fluoreszenzmarkierung von Exosomen

	Material	Hersteller
PKH26	PKH26 Red Fluorescence Cell	Sigma Aldrich, St.Louis, USA
	Linker Midi Kit for general cell	
	membrane labeling	
Diluent C	Diluent C for Membrane Labeling	Sigma Aldrich, St.Louis, USA
Phalloidin	Phalloidin iFluor488	AAT Bioquest, Sunnyvale, USA
Antibody Diluent	Dako Antibody Diluent	Agilent, Santa Clara, USA
Paraformaldehyd reinst		Merck, Darmstadt, Deutschland
Dapi	VECTASHIELD HardSet Antifade	Vector Labs Inc., Burlingame, USA
	Mounting Medium with DAPI	
Deckgläser	High Precision Deckgläser	Carl Roth, Karlsruhe, Deutschland
	24x60 mm, MEDITE	
Zentrifugenröhrchen	Pierce [™] Protein Concentrator	Thermo Fisher Scientific, Waltham,
	100k	USA

4.1.7 Geräte

Gerät	Bezeichnung	Hersteller
-------	-------------	------------

Pipettierhilfe	Pipetboy	INTEGRA Biosciences AG, Zizers,		
		Schweiz		
Absaughilfe	Vacusafe, Vacuboy	INTEGRA Biosciences AG, Zizers,		
		Schweiz		
Pipetten	2 µl, 10 µl, 20 µl, 100 µl, 200 µl,	Gilson Inc., Middleton, USA		
	1000 µl			
	2 µl, 10 µl, 20 µl, 100 µl, 200 µl,	Eppendorf, Hamburg, Deutschland		
	1000 µl, 5000 µl			
Mehrkanalpipette	Transferpette® 20 - 200 µl	Brand, Wertheim, Deutschland		
Stepper	Multipette®	Eppendorf, Hamburg, Deutschland		
Zentrifugen	Eppendorf Centrifuge 5804	Eppendorf, Hamburg, Deutschland		
	Eppendorf mini spin plus	Eppendorf, Hamburg, Deutschland		
Ultrazentrifuge	Optima LE-80K Ultrazentrifuge	Beckman Coulter, Brea, USA		
Mikroskop	Axiovert S100 Mikroskop	Zeiss, Oberkochen, Deutschland		
Mikrotiterplatten-Lesegerät	Tecan infinite F200 pro	Tecan, Männedorf, Schweiz		
Zellzähler	Luna II automated cell counter	Logos Biosystems, Anyang-si,		
		Südkorea		
Slides für Zellzähler	Luna cell counting slides	Logos Biosystems, Anyang-si,		
		Südkorea		
Brutschrank	Hera Cell Brutschrank	Heraeus, Hanau, Deutschland		
Sterilwerkbank	Hera Safe Sterilwerkbank	Heraeus, Hanau, Deutschland		
Einfrierbox	Corning® CoolCell [™] LX Cell	Corning, New York, USA		
	Freezing Container			
Intas Imager	ECL Chemocam Imager	Intas Science Imaging Instruments		
		GmbH, Göttingen, Deutschland		
Feinwaage	VWR Science Education	VWR International, Radnor, USA		
Laserscanning-Mikroskop	LSM 780	Carl Zeiss AG, Wetzlar, Deutschland		

4.2 Methoden

4.2.1. Allgemeine Zellkulturmethoden

4.2.1.1 Zelllinie

Die verwendete Zelllinie 786-O wurde auf Basis der Tumorzellen des klarzelligen Nierenzellkarzinoms eines 58-jährigen kaukasischen Mannes etabliert. 786-O zeigt in der Zellkultur ein adhärentes Wachstum und weißt eine Von-Hippel-Lindau-Mutation (= VHL) vor. VHL ist eines der wichtigsten Tumorsuppressorgene und bei klarzelligen Nierenzellkarzinomen oftmals mutiert. Daraus resultiert auch eine Veränderung des Hypoxie-induzierten Faktors sowie des VEGF-Rezeptors bei 786-O-Zellen. Die Zellen wurden für die Dauer des Experiments kontinuierlich mit DMEM und RPMI-1640 im Verhältnis 1:1 und 10% fetalem Kälberserum kultiviert.

Die unbehandelten Zellen werden im Folgenden als 786-O^{WT} (Wildtyp) bezeichnet.

4.2.1.2 Etablierung der Pazopanib-resistenten Zellen

Um bei der Zelllinie 786-O eine Resistenz gegen den Tyrosinkinaseinhibitor Pazopanib zu induzieren, wurden 786-O-Zellen durch die Arbeitsgruppe von Dr.rer.nat. Bozhena Vynnytska-Myronovska über eine Dauer von 3 Monaten mit Pazopanib in einer Konzentration von 14 µM behandelt. Die Überwachung der Zellviabilität erfolgte regelmäßig alle 2 bis 3 Wochen sowohl durch Zellzählung als auch mit WST-1-Assays. Nach Ablauf der 3 Monate erfolgte ein Wash-Out, währenddessen die Zellen nicht mehr chronisch mit Pazopanib behandelt wurden. Auch hier erfolgte die Überwachung der Zellviabilität weiterhin alle 2 bis 3 Wochen. Die Pazopanib-resistenten Zellen werden im Folgenden als 786-O^{PR} bezeichnet. Bei der Planung und Durchführung der Experimente wurde darauf geachtet, dass 786-O^{WT} und 786-O^{PR} parallel jeweils die gleiche Passage hatten, um Effekte durch Zellalterung zu minimieren.

Zu Beginn der Experimente wurden sowohl Zellen von 786-O^{WT} als auch von 786-O^{PR} vermehrt, um einen Vorrat an 786-O-Zellen anzulegen (= Zellstock). Bei 95-prozentiger Konfluenz der 25 cm²-Zellkulturflaschen wurden die Zellen eingefroren. So konnte sichergestellt werden, dass für alle Experimente Zellen ähnlicher Passage verwendet werden können, um eine Vergleichbarkeit der Ergebnisse gewährleisten zu können.

Für jedes Experiment wurden Zellen der Passage 57 aufgetaut und dann für einige Wochen kultiviert, sodass die Zellen sich von den Effekten der Kryokonservierung regenerieren konnten. Alle Experimente wurden innerhalb der Passagen 61 bis 68 durchgeführt. Sobald die Experimente beendet waren und die Zellen in ihrer Passage zu hoch waren, wurden die Zellkulturflaschen verworfen und neue Zellen aus dem Zellstock aufgetaut.

41

4.2.1.3 Subkultivieren adhärenter Zellen in der Zellkultur

Abhängig von der Wachstumsfläche der Zellkulturflaschen wurden unterschiedliche Volumina verwendet (Tab. 12).

	25 cm²	75 cm²	500 cm ²
PBS	4 ml	5 ml	20 ml
Trypsin	2 ml	2 ml	15 ml
Resuspension mit	3 ml	5 ml	30 ml
DMEM/RPMI +10% FCS			
Zellzählung	3 ml	5 ml	10 ml
Endvolumen	4,5 ml	12 ml	80 ml
Stock 1 (finale Konz. 14µM)	630 µl	1680 µl	11200 µl

Tabelle 12: Verwendete Volumina je nach Wachstumsfläche

Sobald die Zellen eine Konfluenz von 90-95% erreicht hatten, wurde das verbrauchte Medium mit einer Glaspasteurpipette abgesaugt und die Zellen mit PBS gewaschen, um Zelldetritus und Reste des Zellkulturmediums zu entfernen. Anschließend wurde das PBS ebenfalls mit einer Glaspasteurpipette abgesaugt und Trypsin auf die Zellen gegeben, um die adhärent wachsenden Zellen vom Boden der Zellkulturflasche zu lösen. Die Zellkulturflaschen wurden dann bei 37°C und 5% CO₂ für 10 bis 15 Minuten inkubiert, bis die Zellen sich komplett vom Flaschenboden gelöst hatten. Die Reaktion des Trypsins wurde durch Zugabe von Zellkulturmedium DMEM/RPMI +10% FCS gestoppt und die Zellen in ein 12 ml-Zentrifugenröhrchen überführt. Die Zellsuspension wurde für 3 Minuten bei 1100 g zentrifugiert, um abgestorbene Zellen und Zellreste zu entfernen. Nach dem Zentrifugationsschritt wurde der Zellkulturüberstand mit einer Glaspipette abgesaugt, das Zellpellet verblieb am Boden des Zentrifugenröhrchens. Die Zellen wurden mit DMEM/RPMI +10% FCS resuspendiert und anschließend eine Zellzählung durchgeführt. Bei 786-O^{WT} wurde die entsprechende Menge Zellkulturmedium in die Zellkulturflaschen gegeben (Tab. 13) und dann die berechnete Menge Zellsuspension in das vorgelegte Medium pipettiert. Bei 786-OPR musste aufgrund der gleichbleibenden Medikamentenkonzentration von 14 µM das Endvolumen ohne Medikament jeweils genau 3870 µl betragen (bei 25 cm²). Die Menge an Zellkulturmedium wurde wie folgt berechnet:

3870 μl – berechnete Menge Zellsuspension [μl] = Menge an Zellkulturmedium [μl]

Die berechnete Menge an Zellkulturmedium wurde dann in die Zellkulturflaschen vorgelegt. Nach dreimaliger Resuspension zur Durchmischung der Zellen wurde die berechnete Menge Zellsuspension ebenfalls in die Zellkulturflaschen pipettiert. 3 Stunden nach Aussaat der Zellen in die neuen Zellkulturflaschen wurde jeweils 630 μ l Pazopanib-Stock 1 in die Flaschen gegeben, sodass das Endvolumen exakt 4500 μ l (= 4,5 ml) und die finale Konzentration von Pazopanib 14 μ M entsprach (Tab. 13).

	25 cm²	75 cm²	500 cm ²
Medium +	3870 µl	10 320 µl	68800 µl
Zellsuspension			
Pazopanib Stock 1	630 µl	1680 µl	11200 µl
Endvolumen	4500 µl	12000 µl	80000 µl

Tabelle 13: Verwendete Volumina für Medium/Pazopanib Stock 1 je nach Wachstumsfläche

4.2.1.4 Kryokonservierung adhärenter Zellen

Die Zellen wurden zunächst aus der Zellkulturflasche gelöst. Die Zellsuspension wurde bei 1100 g für 3 Minuten zentrifugiert und das alte Medium abgesaugt. Das Zellpellet wurde dann zügig mit 2 ml DMSO resuspendiert, direkt in ein Kryogefäß überführt und umgehend auf Eis gestellt. Um die Zellen schonend einzufrieren wurde eine Einfrierbox verwendet. Die Proben wurden dann bei -80°C eingefroren und bis zur weiteren Verwendung gelagert. Um gleiche Bedingungen für Experimente zu schaffen, wurden sowohl 786-O^{WT} als auch 786-O^{PR} zu Beginn der Arbeitsphase in der Zellkultur vermehrt und dann in regelmäßigen Abständen bei -80°C eingefroren. Sobald die Zellen eine hohe Passagezahl erreicht hatten, wurden neue Zellen aufgetaut.

4.2.1.5 Auftauen adhärenter Zellen

Um die Zellen schonend aufzutauen, wurden 9 ml DMEM/RPMI +10% FCS in ein Zentrifugenröhrchen pipettiert. Mit einer gestopften Pasteurpipette wurde die angetaute Zellsuspension abgenommen und in das Zellkulturmedium pipettiert, um die zelltoxische Wirkung des DMSOs abzumildern. Wenn das gesamte Zellpellet aufgetaut und in das Zellkulturmedium überführt wurde, erfolgte ein Zentrifugationsschritt für 3 Minuten bei 1100 g. Der Überstand wurde mit einer Pasteurpipette abgesaugt und das Zellpellet mit 5 ml DMEM/RPMI +10% FCS resuspendiert. Die Zellsuspension wurde dann wiederholt für 3 Minuten bei 1100 g zentrifugiert, um mögliche Überreste des DMSOs auszuwaschen. Anschließend an den zweiten Zentrifugationsschritt wurde der Überstand mit einer

ungestopften Pasteurpipette abgesaugt und das Zellpellet erneut mit 3 ml DMEM/RPMI +10% FCS resuspendiert. Die Zellsuspension wurde, entsprechend der Wachstumsfläche der Zellen, vor der Kryokonservierung in eine Zellkulturflasche der Größe 25 cm² oder 75 cm² ausgesät. Am nächsten Tag erfolgte ein Medienwechsel. Die Gabe von Pazopanib bei chronisch behandelten 786-O^{PR}-Zellen erfolgte auch am Tag nach dem Auftauen mit dem Medienwechsel.

4.2.1.6 Zellzählung

Um die Zellzahl zu bestimmen, wurden 10 µl der Zellsuspension mit 10 µl Trypanblau (Verdünnung 1:1) in ein 0,5-ml-Eppendorf-Tube gegeben und durch mehrmaliges Pipettieren vermischt. Trypanblau wird als Farbstoff nicht von lebenden Zellen aufgenommen, da der Farbstoff die intakte Zellmembran nicht passieren kann. Deshalb sind letztlich nur tote Zellen gefärbt. Mit dieser Farbausschlussmethode kann dann die Zellzahl bestimmt werden.

Nach Mischung der Zellen mit Trypanblau wurden 10 µl der gefärbten Zellsuspension in ein Luna Cell Counting Slide pipettiert und die Zellen mithilfe des LUNA-II™ Automated Cell Counter gezählt. Anhand der Zellzahl wurde dann die Verdünnung berechnet, die benötigt wurde, um die vorher etablierte Zellzahl für die jeweiligen Wachstumsflächen aussäen zu können. Das Volumen der benötigten Zellsuspension wurde anhand folgender Formel berechnet:

$$ben \ddot{o}tigte \ Zells us pension \ [ml] = \frac{Konzentration \ lebender \ Zellen \ [\frac{Zellzahl}{ml}] \times Resus pensions volumen \ [ml]}{gew \ddot{u}nschte \ Konzentration \ [\frac{Zellzahl}{ml}]}$$

4.2.1.7 WST-1-Assay

Mithilfe des WST-1-Assays kann die Zellviabilität photometrisch bestimmt werden. WST (Englisch: water soluble tetrazolium) ist ein Salz, das durch einen enzymatischen Komplex in der Atmungskette lebender Zellen zu Formazan umgesetzt wird. Der Farbumschlag des schwachroten WST in das dunkelrote Formazan kann dann in einem Photometer bei einer Wellenlänge von 450 nm gemessen und anschließend ausgewertet werden. Je höher die Zellviabilität der untersuchten Probe war, desto stärker war der Farbumschlag und umso stärker auch die gemessene Absorption.

WST-1-Assays wurden verwendet, um den Effekt einer Behandlung mit Pazopanib 14 μ M sowohl auf 786-O^{WT} als auch auf 786-O^{PR}-Zellen zu untersuchen. Dazu wurden für jede, zu untersuchende Gruppe je 3 technische Replikate der Zelllinie in eine 96-Well-Platte ausgesät. Die 3 technischen Replikate wurden dann für 72 Stunden entweder mit Pazopanib 14 μ M oder mit DMSO in der gleichen Konzentration behandelt.

Nach Ablauf der 72 Stunden wurde der Zellkulturüberstand abgeschüttet und mit einer Multipipette jeweils 100 µl DMEM/RPMI + 10% WST-1 in alle Wells pipettiert, in die auch Zellen ausgesät wurden. Zusätzlich wurde in eine Spalte, in der keine Zellen ausgesät wurden, auch jeweils 100 µl DMEM/RPMI + 10% WST-1 pipettiert, um den Leerwert der Platte bestimmen zu können (= Blank). Die Platte wurde für 60 Minuten bei 37°C und 5% CO₂ inkubiert, dann erfolgte die erste photometrische Messung der Absorption mithilfe des TECAN-Readers. Sobald die erste Messung beendet war, wurde die Platte erneut für weitere 30 Minuten inkubiert, sodass insgesamt 90 Minuten nach Zugabe des WST-1 die zweite photometrische Messung erfolgen konnte.

4.2.1.8 Etablierung der LC-50

Um die Konzentration von Pazopanib zu bestimmen, bei der die Zellviabilität von 786-O^{WT} 50% beträgt, wurde ein Zellviabilitätsassay durchgeführt.

Dazu wurden 2 verschiedene 96-Well-Platten verwendet, in die jeweils biologische Replikate von 786-O^{WT} und 786-O^{PR} ausgesät wurden. Zuerst wurde mit einer Multipipette in jedes Well am Rand der Platte je 200 µl PBS pipettiert. Dann wurde ebenfalls mit einer Multipipette je 100 µl Zellkulturmedium in diejenigen Wells pipettiert, in die Zellen von 786-O^{WT} und 786-O^{PR} ausgesät werden sollten. Die jeweiligen Zelllinien wurden aus den Zellkulturflaschen gelöst und dann die Menge an Zellsuspension berechnet, die nötig war, um in jedes Well 1•10³ Zellen aussäen zu können. Anschließend wurde mit einer Multipipette jeweils 100 µl Zellsuspension pro Well pipettiert und die 96-Well-Platte bei 37°C und 5% CO₂ für 24 Stunden inkubiert. Nach 24 Stunden wurde mit einer Multikanalpipette aus jedem Well jeweils 100 µl Zellkulturüberstand abgenommen, der abgenommene Überstand wurde verworfen.

Um die dosisabhängigen Effekte von Pazopanib auf die Zellen zu untersuchen, wurden 786-O-Zellen mit verschiedenen Konzentrationen von Pazopanib für eine Dauer von 72 Stunden behandelt. Nach Abnahme von jeweils 100 μ l Zellkulturüberstand pro Well wurde mit einer Multipipette jeweils 100 μ l unterschiedlicher Pazopanib-Konzentrationen in die entsprechenden Wells pipettiert und die Platte erneut bei 37°C und 5% CO₂ inkubiert (Tab. 14).

Tabelle	14:	Verwendete	Pazopanib	-Konzentrationen	und dere	n Zusammensetzung
---------	-----	------------	-----------	------------------	----------	-------------------

	CTR-DMSO	Paz 7 µM	Paz 14 µM	Paz 18 µM	Paz 22 µM
Medium	2490 µl	2150 µl	1800 µl	1600 µl	1400 µl

DMSO-Stock	10 µl	-	-	-	-
Pazopanib-Stock 1	-	350 µl	700 µl	900 µl	1100 µl

Die Zusammensetzungen der unterschiedlichen Pazopanib-Konzentrationen wurden unter Verwendung der unten genannten Formeln berechnet. Nach Abnahme von jeweils 100 μ l des Zellkulturüberstands verbleiben 100 μ l Zellkulturmedium in jedem Well. Bei Zugabe von 100 μ l Pazopanib-Lösung wird das Medikament verdünnt, da sich bereits ein bestimmtes Volumen an Zellkulturmedium im Well befindet. Dieser Verdünnungseffekt wird in der Formel berücksichtigt, indem man die benötigte Konzentration verdoppelt. Durch die Mischung von 100 μ l Zellkulturmedium in den Wells mit 100 μ l Pazopanib-Stock wird so die finale gewünschte Konzentration erreicht.

Um Pipettierfehler gering zu halten, wurde jeweils 2500 μ l der unterschiedlich konzentrierten Pazopanib-Lösungen angesetzt. Die verwendeten Konzentrationen umfassten sowohl die bisher verwendete Konzentration in der Langzeitkultur (14 μ M), sowie eine niedrigere und jeweils zwei höhere Konzentrationen. Die Konzentration der verwendeten DMSO-Kontrolle entsprach der niedrigsten verwendeten Pazopanib-Konzentration (7 μ M).

Die benötigte Menge des Pazopanib-Stock 1 für jede Konzentration wurde entsprechend folgender Formel berechnet:

$$Pazopanib - Stock \ 1 \ [ml] = \frac{(ben \ddot{o}tigte \ Konzentration \ [\mu M] \times 2) \times \ 2500 \ \mu l}{Konzentration \ Pazopanib - Stock \ 1 \ [\mu M]}$$

Hierbei ist zu berücksichtigen, dass die Konzentration des Pazopanib-Stock 1 100 µM beträgt. Die zu verwendende Menge des Zellkulturmediums wurde anhand folgender Formel berechnet:

$$Zellkulturmedium [ml] = 2500 \ \mu l - Pazopanib - Stock 1 [ml]$$

Entsprechend der Berechnungen wurden dann die verschiedenen Pazopanib-Konzentrationen und die DMSO-Kontrolle angesetzt und mithilfe einer Multipette jeweils 100 µl pro Well pipettiert (Abb. 14).

Nach einer Inkubationszeit von 72 Stunden bei 37°C und 5% CO₂ wurde ein WST-1-Assay durchgeführt.



Abbildung 14: Belegung der 96-Well-Platte (Etablierung der LC50)

Die Auswertung der Ergebnisse erfolgte mit Microsoft Excel. Um aus den gemessenen Absorptionswerten die Zellviabilität zu berechnen, wurden zwei Standardisierungen verwendet. Zuerst wurde der Mittelwert der Absorption der 3 technischen Replikate berechnet. Die erste Standardisierung betrachtete die mit Pazopanib behandelten Zellen jeweils im Vergleich zur DMSO-Kontrollgruppe.

$$\% Zellviabilität (DMSO) = \frac{Mittelwert Absorption von Pazopanib-behandelten Zellen}{Mittelwert Absorption von DMSO-behandelten Zellen}$$

Die zweite Standardisierung betrachtete die mit Pazopanib behandelten Zellen jeweils im Vergleich zu 786-O^{WT}-Zellen, die nur mit DMSO 14 µM behandelt worden waren.

 $\% Zellviabilität (WT-DMSO) = \frac{Mittelwert Absorption von Pazopanib-behandelten Zellen}{Mittelwert Absorption von DMSO-behandelten WT-Zellen}$

4.2.2. Exosomenisolation

4.2.2.1 Zellkultur

Die Exosomen wurden aus dem Zellkulturüberstand von 786-O^{WT} und 786-O^{PR} isoliert. An Tag 1 wurden jeweils 3•10⁵ Zellen in eine Zellkulturflasche mit einer Wachstumsfläche von 500 cm² ausgesät. Sobald die Zellen eine Konfluenz von etwa 40% erreicht hatten (bei 786-O^{WT} an Tag 4, bei 786-O^{PR} an Tag 5), wurde das normale DMEM/RPMI +10% FCS abgenommen und verworfen. Die Zellen wurden dann drei Mal mit jeweils 25 ml PBS gewaschen, um Zelldetritus und Reste des Zellkulturmediums zu entfernen. Anschließend wurde jeweils 80 ml DMEM/RPMI +10% Exosomen-depletiertes FCS in die Zellkulturflasche gegeben und die Zellen für 72 Stunden bei 37°C und 5% CO₂ inkubiert, bis sie eine Konfluenz von etwa 95-100% erreicht hatten.

4.2.2.2 Herstellung des Exosomen-depletierten fetalen Kälberserums (FCS)

Für die Herstellung des Exosomen-depletierten FCS wurde das fetale Kälberserum in jeweils acht Ultrazentrifugenröhrchen abgefüllt und für 24 Stunden bei 100.000 g zentrifugiert. Das dabei entstandene Pellet aus extrazellulären Vesikeln, Lipoproteinen und anderen Serumbestandteilen des fetalen Kälberserums wurde verworfen. Mithilfe eines Sterifilter-Systems wurde das zentrifugierte und nun Exosomen-depletierte FCS gefiltert, um einer Verunreinigung durch Bakterien vorzubeugen. Filtriertes ED-FCS wurde dann in 50 ml-Zentrifugenröhrchen abgefüllt und bei -20°C bis zur weiteren Verwendung aufbewahrt. Durch die Verwendung des Exosomen-depletierten FCS zur Kultivierung der Zellen für die Exosomenisolation konnte sichergestellt werden, dass in der finalen Exosomenprobe ausschließlich Exosomen fremden Ursprungs auf die Resistenzübertragung minimal gehalten.

4.2.2.3 Differentielle Zentrifugation

Nach 72 Stunden Inkubationszeit wurde der Zellkulturüberstand in 6 verschiedene 50 ml-Zentrifugenröhrchen überführt und bei 4°C für 20 Minuten bei 2000 g zentrifugiert, um tote Zellen und Zellüberreste aus dem Zellkulturüberstand zu entfernen. Der einmalig zentrifugierte Zellkulturüberstand wurde dann in 6 neue 50 ml-Zentrifugenröhrchen überführt, das Pellet aus Zelldetritus wurde verworfen. Im Anschluss erfolgte ein zweiter Zentrifugationsschritt bei 4°C für 30 Minuten bei 15.000 g, um das Zellkulturmedium weiter zu reinigen und auch kleinere Zellbestandteile, die beim ersten Zentrifugationsschritt nicht entfernt wurden, aus dem Medium zu beseitigen. Nach dem zweiten Zentrifugationsschritt wurde der Zellkulturüberstand dann in neue 50 ml-Zentrifugenröhrchen überführt, der Zelldetritus wurde abermals verworfen. Das Medium, nun von Zelldetritus gereinigt, wurde dann bis zur Weiterverwendung bei 4°C aufbewahrt. Für funktionelle Assays wurde das Zellkulturmedium vor der Ultrazentrifugation durch ein Sterilfilter-System gefiltert, um bakterieller Verunreinigung vorzubeugen.

4.2.2.4 Ultrazentrifugation

Um die Exosomen aus dem bereits zentrifugierten Zellkulturüberstand zu isolieren, wurden jeweils 8 Ultrazentrifugenröhrchen pro Zentrifugationsschritt befüllt. Alle Röhrchen mussten dabei bis auf eine Nachkommastelle das gleiche Gewicht haben (56,0 g). Zur Ultrazentrifugation wurde die Ultrazentrifuge Optima LE-80K von Beckman Coulter in Kombination mit einem Rotor des Typs Ti70 verwendet. Die Zentrifugation erfolgte für 90 Minuten bei 40.000 g und einer Temperatur von 4°C. Anschließend wurde der Zellkulturüberstand abgegossen und verworfen. Die Exosomenpellets der einzelnen Röhrchen wurden mit je 1000 µl PBS resuspendiert und in einem neuen Röhrchen vereint. Das fehlende Volumen wurde mit PBS aufgefüllt und die Probe dann erneut bei 4°C für 90 Minuten bei 40.000 g zentrifugiert. Der PBS-Überstand wurde abgegossen und verworfen und das Exosomenpellet anschließend erneut resuspendiert.

Für funktionelle Assays und die Experimente zur Überprüfung der Resistenzübertragung wurde das Pellet mit 100 µl PBS resuspendiert, um die Funktion und die Form der Exosomen zu erhalten.

Dahingegen wurde für die Exosomencharakterisierung mittels Immunoblot das Pellet mit 50 µl Lysatpuffer resuspendiert, um die Exosomen in die Proteinbestandteile aufzulösen.

4.2.3. Exosomencharakterisierung

Die isolierten Exosomen sowie die zugehörigen Zellen wurden auf das Vorhandensein typischer exosomaler Marker untersucht. Zusätzlich wurde auf die Expression typischer zellulärer Marker getestet, um eine Aussage über eine mögliche Kontamination der Exosomenprobe treffen zu können. So konnte sichergestellt werden, dass durch die Ultrazentrifugation Exosomen eines hohen Reinheitsgrads isoliert wurden.

Um die Proteine der Exosomen sowie der Zellen ihrer Größe nach aufzutrennen, wurde eine SDS-Page entsprechend etablierter Protokolle durchgeführt. Der Transfer der

49

elektrophoretisch aufgetrennten Proteine auf eine Membran erfolgte mittels Western Blot, sodass die Proteine anschließend durch Chemolumineszenz detektiert werden konnten.

4.2.3.1 Vorbereitung der Proben

Um die exosomalen Proteine zu lysieren, wurde im letzten Schritt der Exosomenisolation das Exosomenpellet mit 50 µl Lysierungspuffer mit Proteaseinhibitoren resuspendiert und für 30 Minuten auf Eis inkubiert. Nach 30 Minuten Inkubationszeit wurde die Probe für 5 Minuten bei 20.000 g und 4°C zentrifugiert. Der Überstand wurde in ein neues Eppendorf-Gefäß überführt und zur weiteren Verwendung bei -80°C eingefroren. Das abzentrifugierte Pellet wurde verworfen.

Für die Herstellung des Zelllysats wurden die zugehörigen Zellen abgelöst und drei Mal mit PBS gewaschen. Die Zellpellets wurden dann, wie die Exosomenpellets, mit 50 µl Lysepuffer für 30 Minuten auf Eis inkubiert und anschließend ebenfalls für 5 Minuten bei 20.000 g und 4°C zentrifugiert.

Um die quantitative Proteinmenge der Lysatproben zu bestimmen, wurde ein Pierce[™] BCA Protein Assay [Thermo Fisher Scientific] nach Herstellerangaben durchgeführt.

Mithilfe des BCA-Assays kann die Proteinkonzentration in einer Probe bestimmt werden. BCA steht als Abkürzung für Bicinchoninsäure (Englisch: Bicinchoninic Acid). Im BCA-Assay reagieren die Proteine der Probe mit zweiwertigen Kupferionen zu einwertigen Kupferionen. Die entstandenen einwertigen Kupferionen reagieren mit Bicinchoninsäure und bilden einen violetten Farbstoff, dessen Absorption anschließend photometrisch gemessen wird. Zunächst wird die Absorption mehrerer Proben mit einer bekannten, vorher definierten Proteinkonzentration Anhand der Messergebnisse gemessen. der bekannten Proteinkonzentrationen kann mithilfe der graphischen Darstellung der Absorptionsmessungen eine Geradengleichung erstellt werden. Durch Einsetzen des Messergebnisses der zu bestimmenden Probe kann dann letztendlich die Proteinkonzentration berechnet werden.

Entsprechend der Ergebnisse des BCA-Assays wurde dann das Exosomen- sowie das Zelllysat mit Lämmli-Puffer im Verhältnis 3:1 gemischt. Lämmli-Puffer setzt sich zusammen aus 25 mM Tris, 192 mM Glycin, Beta-Mercaptoethanol, Bromphenolblau und 0,1%m/V SDS. SDS (Englisch: sodium dodecyl sulfacte: Natriumdodecylsulfat) ist ein anionisches Tensid, das die Proteine der Exosomenlysatprobe aufbrechen kann und dafür sorgt, dass die Bindungen zwischen den einzelnen Aminosäuren gespalten werden. Die Proteine verlieren dadurch ihre Sekundär- und Tertiärstruktur und liegen dann in annähernd linearer Form vor, sodass eine Auftrennung nach ihrer Größe leichter vonstatten geht. Das SDS führt zusätzlich noch dazu, dass die Proteine negativ geladen werden und so in der Elektrophorese zum positiv geladenen Pol (Anode) wandern. Beta-Mercaptoethanol spaltet die in Proteinen vorhandenen

Disulfidbrücken und trägt so auch dazu bei, die Sekundär- und Tertiärstruktur der Proteine aufzulösen. Glycin sorgt als Bestandteil des Puffers dafür, dass die Proteinproben eine höhere Dichte bekommen und sich so beim Beladen des Polyacrylamidgels nicht auflösen oder weggeschwemmt werden. Tris stabilisiert den pH-Wert der Proteinproben, sodass die Proben einerseits länger haltbar sind und andererseits vor enzymatischen Proteasereaktionen geschützt sind, die die Auftrennung der Proteine verfälschen könnten. Das Bromphenolblau dient als Färbung dazu, den Verlauf der Proteine im Polyacrylamidgel nachverfolgen zu können.

Die Lysatproben mit Lämmli-Puffer im Verhältnis 3:1 wurden dann für 5 Minuten bei 95°C im Thermoblock erhitzt, um die Proteine weiter zu denaturieren. Falls die Elektrophorese am selben Tag erfolgte, wurden die Proben nach Ablauf der 5 Minuten auf Eis gestellt. Ansonsten wurden sie bis zur weiteren Verwendung in Aliquots von jeweils 10 µg bei -80°C eingefroren.

4.2.3.2 SDS-PAGE

SDS-PAGE steht als Abkürzung für "sodium dodecyl sulfate polyacrylamide gel electrophoresis" und dient der elektrophoretischen Auftrennung von Proteinen in einem elektrischen Feld entsprechend ihrer Größe.

Für diese elektrophoretische Auftrennung der Proteine wurde ein Mini-PROTEAN TGX Gel 4 – 15 % von Biorad verwendet. Das Gel wurde nach Herstellerangaben vorbereitet und in die Elektrophoresekammer eingespannt. Die Kammer wurde dann mit Laufpuffer gefüllt, bis das Gel komplett bedeckt war.

Der vorgefärbte Protein-Marker PageRular[™] von Thermo Scientific wurde jeweils in die erste Tasche des Gels pipettiert, um die Größe der aufgetrennten Proteine abschätzen zu können. Um einen gleichmäßigen elektrischen Widerstand zu gewährleisten, wurden immer alle Taschen des Gels beladen. Dann wurde die Elektrophorese gestartet und lief zunächst für 30 Minuten bei 70 V und 50 mA. Nach Ablauf der 30 Minuten wurde die Spannung für zwei weitere Stunden auf 120 V erhöht. Die SDS-Page wurde beendet, sobald der 15 kDa-Marker des PageRular[™] den unteren Rand des Polyacrylamidgels erreicht hatte.

4.2.3.3 Immunoblotting

Um die aufgetrennten Proteine im Polyacrylamidgel auf eine Membran zu übertragen und sichtbar zu machen, wurde anschließend an die SDS-Page ein Immunoblot (Semi-Dry-Methode) durchgeführt.

Während der Elektrophorese wurde die Membran für das sich anschließende Blotting aktiviert. Die verwendete PVDF-Membran wurde zuerst für 1 Minute in Methanol geschwenkt, danach mit Aqua dest. gewaschen und dann bis zur weiteren Verwendung bei Raumtemperatur in Transferpuffer auf dem Shaker inkubiert.

Auf die Anode des Blotters wurden zwei Lagen Whatman-Papier gelegt und mit Transferpuffer getränkt. Die aktivierte PVDF-Membran wurde aus dem Transferpuffer herausgenommen und auf das nasse Whatman-Papier platziert. Sobald die Elektrophorese abgeschlossen war, wurde das Polyacrylamidgel nach Herstellerangaben aus dem Plastikrahmen herausgelöst und passgenau auf die aktivierte PVDF-Membran gelegt. Das Gel wurde dann mit 2 weiteren Lagen nassem Whatman-Papier abgedeckt, um die PVDF-Membran für die gesamte Dauer des Blottens feucht zu halten. Überschüssiger Transferpuffer wurde von der Anode abgewischt, sodass der angelegte Strom ausschließlich durch das Papier, das Gel und die Membran wandert. Nach Anlage der Kathode wurden dann die Elektroden angeschlossen. Das Blotting erfolgte bei einem konstanten Strom von 120 mA, einer maximalen Spannung von 30 V und einer maximalen Leistung von 50 W für eine Stunde.

4.2.3.4 Antikörperdetektion

Nach Ablauf des Proteintransfers auf die PVDF-Membran wurde die Membran zweimalig für 20 Minuten mit TBsT gewaschen, um Überreste des Transferpuffers zu entfernen. Das Polyacrylamidgel und das Whatmann-Papier wurden verworfen.

Anschließend an die Waschschritte wurde die Membran für eine Stunde bei Raumtemperatur mit 5% BSA oder 5% Milch auf dem Shaker inkubiert, um unspezifische Antikörperbindung zu vermeiden.

Sobald die Membran blockiert war, konnten die zu untersuchenden Primärantikörper auf die Membran gegeben werden (Tab. 15). Entsprechend des Molekulargewichts der Antikörper wurde die PVDF-Membran in mehrere Teile geschnitten, um 3 bis maximal 4 Antikörper gleichzeitig untersuchen zu können. Nach Zugabe des Primärantikörpers auf die Membran erfolgte eine Inkubation über Nacht bei 4°C.

Antikörper	Molekulargewicht	Verdünnung	Verdünnung in
CD81 (Mouse)	25 kDa	1:1000	5% BSA
CD63 (Mouse)	28 – 35 kDa	1:1000	5% Milch
Syntenin (Rabbit)	32 kDa	1:1000	5% BSA
AxI (Rabbit)	138 kDa	1:1000	5% BSA
Met (Mouse)	145 kDa	1:1000	
GAPDH (Rabbit)	37 kDa	1:1000	5% Milch
GM130 (Rabbit)	130 kDa	1:1000	
anti-Mouse-IgG		1:2000	entsprechend des
HRP-linked Antibody			Primärantikörpers
anti-Rabbit-IgG		1:2000	entsprechend des
HRP-linked Antibody			Primärantikörpers

Tabelle 15: Verwendete Antikörper

Am nächsten Tag wurden die Primärantikörper mit einer 5 ml Eppendorf Pipette abgenommen und zur erneuten Verwendung bei -20°C eingefroren. Die PVDF-Membran wurde drei Mal für jeweils 10 Minuten mit TBsT gewaschen, um Rückstände des Primärantikörpers zu entfernen. Entsprechend der verwendeten Primärantikörper wurden in dieser Zeit die Sekundärantikörper im Verhältnis 1:2000 angesetzt. Dazu wurden jeweils 3000 µl 5% BSA oder 5% Milch mit 1,5 µl anti-Mouse- oder anti-Rabbit-Antikörpern versetzt. Alle verwendeten Antikörper wurden dauerhaft auf Eis aufbewahrt, um die Stabilität der Antikörper sicherstellen zu können. Nach dem letzten Waschschritt mit TBsT wurden dann die vorbereiteten Sekundärantikörper auf die PVDF-Membran gegeben und für 90 Minuten bei Raumtemperatur auf dem Shaker inkubiert. Nach 90 Minuten wurde der Sekundärantikörper abgenommen und verworfen und die Membran erneut 3-mal für jeweils 10 Minuten mit TBsT gewaschen, um mögliche Rückstände des Sekundärantikörpers zu entfernen.

Die Detektion der Antikörper erfolgte unter Verwendung der Pierce ECL Western Blotting Substrate mittels Chemolumineszenz. ECL steht als Abkürzung für Enhanced Chemoluminescence. Bei der Reaktion von ECL entstehen so genannte Acridinium-Ester, die mit Peroxiden reagieren. Diese Reaktion wird durch das Enzym Meerrettichperoxidase (HRP, Englisch: Horseradish Peroxidase) katalysiert und produziert ein starkes chemoluminescentes Signal, was mithilfe einer speziellen Bildgebung detektiert werden kann.

Die Bilder wurden mithilfe des Intas Imager aufgenommen und ausgewertet.

4.2.4. Nanoparticle Tracking Analysis (NTA)

Mithilfe der NTA-Messung wurde die Größe der isolierten Vesikel bestimmt. So konnte sichergestellt werden, dass die isolierten Vesikel den in der Literatur gängigen Größenangaben von 30 – 150 nm entsprechen. Das Prinzip der Nanoparticle Tracking Analysis beruht auf der Brownschen Molekularbewegung der Exosomen. Diese Eigenbewegung der Teilchen wird für jedes einzelne Teilchen mithilfe eines Computerprogramms visualisiert und verfolgt. Aus den gewonnenen Daten wird dann durch das Computerprogramm die Größe jedes einzelnen Partikels und eine Größenverteilung berechnet. Die Messungen für die NTA wurden sowohl von Exosomen aus 786-O^{PR} angefertigt. Dazu wurden die Exosomen isoliert und dann mit 100 µl PBS resuspendiert. Die entsprechende Probe wurde dann jeweils 1:100 und 1:500 in PBS verdünnt und anschließend gemessen.

4.2.5. Überprüfung der Resistenzübertragung

Um zu überprüfen, ob Exosomen eine Resistenz gegen Tyrosinkinaseinhibitoren induzieren können, wurde mit den isolierten Exosomen ein funktionelles Assay durchgeführt.

An Tag 1 wurden jeweils 1,4•10⁴ 786-O^{WT} -Zellen in 6 Wells einer 12-Well-Platte ausgesät (Abb. 15). Um Kontamination durch fetale Exosomen aus dem Kälberserum zu vermeiden, wurde auch hierzu DMEM/RPMI +10% ED-FCS verwendet. Bei der Exosomenisolation wurde darauf geachtet, stets steril zu arbeiten um auch die Gefahr einer bakteriellen Kontamination der Zellen nach Exosomenbehandlung möglichst gering zu halten. Zur weiteren Kontaminationsprophylaxe wurde das Zellkulturmedium mit 1% Penicillin/Streptomycin versetzt.

786-O WT 1,4•104 Zellen	786-O WT 1,4•104 Zellen	
786-O WT 1,4•104 Zellen	786-O WT 1,4•104 Zellen	
786-O WT 1,4•104 Zellen	786-O WT 1,4•10 ⁴ Zellen	

Abbildung 15: Belegung der 12-Well-Platte

An Tag 2 und Tag 3 erfolgte jeweils die Stimulation der 786-O^{WT}-Zellen mit den isolierten Exosomen (Abb. 16). Dabei wurden jeweils 2 Wells mit Exosomen, die von 786-O^{WT} stammen, behandelt, 2 weitere Wells wurden mit Exosomen, die von 786-O^{PR} stammen, behandelt. Um auch dosisabhängige Effekte zu untersuchen, wurden die Zellen jeweils mit 8 µg/ml und mit 20 µg/ml stimuliert. Zur Kontrolle wurden zwei Wells jeweils PBS in der gleichen maximalen Konzentration verabreicht. An Tag 3 erfolgte zusätzlich eine Auffrischung des Zellkulturmediums, indem zunächst jeweils 300 µl des verbrauchten Mediums abgenommen und verworfen wurden. Anschließend wurde das abgenommene Volumen mit frischem Zellkulturmedium ersetzt.

786-O WT CTR PBS	786-O WT CTR PBS	
786-O WT WT Exo 8 µg/ml	786-Ο WT WT Exo 20 μg/ml	
786-Ο WT Paz Exo 8 μg/ml	786-Ο WT Paz Exo 20 μg/ml	

Abbildung 16: Stimulation der 12-Well-Platte mit Exosomen

An Tag 4 hatten die Zellen durchschnittlich eine Konfluenz von 85-90% erreicht. Die Zellen wurden aus der 12-Well-Platte gelöst und die Zellzahl mithilfe des Luna Automated Cell Counters bestimmt. Anschließend wurden jeweils 1•10³ Zellen in eine 96-Well-Platte ausgesät (Abb. 17). Als weitere Referenz wurden 786-O^{PR}-Zellen, die vorher nicht mit Exosomen stimuliert worden waren, ebenfalls in die 96-Well-Platte ausgesät. Circa eine halbe Stunde nach Aussäen der Zellen wurden die vorher behandelten Zellen erneut mit Exosomen in der gleichen Konzentration wie zuvor stimuliert und dann für 24 Stunden inkubiert.

Abbildung 17: Belegung der 96-Well-Platte (Funktionelle Assays)



An Tag 5 erfolgte nach 24 Stunden Inkubationszeit die Medikamentengabe. Hierzu wurden jeweils 3 Wells pro Zelllinie mit Pazopanib in einer Konzentration von 14 µM behandelt. Als Kontrolle wurden ebenfalls 3 Wells pro Zelllinie mit DMSO in der gleichen Konzentration behandelt. Anschließend wurden die Zellen für weitere 72 Stunden inkubiert.

An Tag 8 wurde dann ein WST-1-Assay durchgeführt. Die Zellviabilität wurde anhand der oben bereits genannten Standardisierungen bestimmt.

4.2.6. Aufnahme fluoreszenzmarkierter Exosomen

Zur Überprüfung der Aufnahme von Exosomen in die Zellen wurden isolierte Exosomen mit einem fluoreszierenden Farbstoff markiert und auf 786-O^{WT-}Zellen gegeben. Danach erfolgte die Detektion der Färbung mittels Laserscanner.

4.2.6.1 Aussäen der Zellen

An Tag 1 wurden Zellen der Zelllinie 786-O^{WT} in einen 4-Kammer-Objektträger mit einer Wachstumsfläche von 1,7 cm² pro Well ausgesät (Abb. 18). Pro Kammer wurden jeweils 7•10³ Zellen in 1 ml DMEM/RPMI + 1% PenStrep gegeben, um Verunreinigungen durch Bakterien vorzubeugen. Da die Aufnahme der Exosomen untersucht werden sollte, wurde auch für diesen Versuch 10% exosomen-depletiertes FCS im Zellkulturmedium verwendet.

Abbildung 18: Belegung der Kammerobjektträger



4.2.6.2 PKH26-Markierung von Exosomen

An Tag 2 erfolgte die Markierung der Exosomen mit dem roten Fluoreszenzfarbstoff PKH26. Dieser lipophile Farbstoff färbt Membranen rot, indem er den aliphatischen Teil seiner Struktur in die Bestandteile der Doppellipidschicht der Zellmembran einlagert und so die Membran sichtbar macht.

Die genannten Arbeitsschritte erfolgten alle im Dunkeln und unter Verwendung von Alufolie, um eine Verfälschung der Färbung durch Licht zu verhindern.

Zunächst wurden die isolierten Exosomen auf Eis aufgetaut. In jeweils drei Reaktionsgefäße (Gefäß 1) wurde je 500 µl Diluent C pipettiert. Die in PBS resuspendierten Exosomen wurden hinzugegeben und bis zur weiteren Verwendung auf Eis gelagert. Zur Kontrolle wurde im dritten Reaktionsgefäß 100 µl PBS in Diluent C gelöst und auf Eis inkubiert. In drei weiteren Reaktionsgefäßen (Gefäß 2) wurden jeweils 2 µl PKH26 in 500 µl Diluent C gelöst und für 5 Minuten auf Eis inkubiert. Nach Ablauf der Inkubationszeit wurde der Inhalt der Gefäße 1 in die Gefäße 2 überführt und gut durchmischt. Während der Inkubationszeit von 5 Minuten wurde der Ansatz immer wieder gut resuspendiert, um eine gleichmäßige Anlagerung des Farbstoffs an die Exosomenmembran gewährleisten zu können. Zum Abstoppen der Färbereaktion wurde pro Reaktionsgefäß 1 ml ED-FCS hinzugegeben und eine weitere Minute abgewartet. Um überschüssigen Farbstoff aus dem Ansatz zu entfernen, wurde die Lösung in ein Pierce[™] Protein Concentrator Reaktionsgefäß überführt und für 30 Minuten bei 3000 g und 4°C zentrifugiert. Nach der Zentrifugation wurde das Eluat in ein neues Reaktionsgefäß überführt. Anschließend wurde die gefärbte Lösung auf die Zellen gegeben und über Nacht bei 37°C und 5% CO₂ inkubiert (Tab. 16).

 Tabelle 16:
 Stimulation mit Exosomen

Objektträger	1	2	3
Lösung pro Well	60 µl	60 µl	50 µl

4.2.6.3 Fixierung der Zellen und Phalloidin-Färbung

An Tag 3 wurden zur Lokalisation der Exosomen die Zellen selbst gefärbt (Tab. 17). Hierzu wurde der grüne Fluoreszenzfarbstoff Phalloidin-iFluor 488 verwendet, der selektiv an das F-Aktin des Zytoskeletts der Zellen bindet und so die Zellen selbst im Fluoreszenzmikroskop sichtbar macht.

Tabelle 17: Fixierung der Zellen und Phalloidin-Färbung

	Arbeitsschritt	Menge	Dauer
1.	Entfernung des Zellkulturmediums		
2.	Waschschritt		
	Kaltes PBS (+Ca ²⁺ , Mg ²⁺)	3-mal	kurz
3.	Fixierung der Zellen		
	Kaltes PFA 4% in PBS	500 µl/Kammer	30 Minuten
4.	Waschschritt		
	Kaltes PBS (+Ca ²⁺ , Mg ²⁺)	3-mal	kurz
5.	Permeabilisation		
	PBS 0,1% Triton X (PBST)	600 µl/Kammer	10 Minuten
6.	Waschschritt		
	Kaltes PBS (+Ca ²⁺ , Mg ²⁺)	3-mal	kurz
7.	Blockieren		
	3% BSA in PBST	600 µl/Kammer	45 Minuten
8.	Immunfärbung		
	Phalloidin-iFluor 488 Konjugat	150 µl/Kammer	60 Minuten
9.	Waschschritt		
	Kaltes PBS (+Ca ²⁺ , Mg ²⁺)	3-mal	5 Minuten
10.	Gegenfärbung und Mounting		
	VECTASHIELD Medium mit DAPI		
11.	Konservieren der Probe		

Nachdem das Zellkulturmedium entfernt wurde, erfolgte der erste Waschschritt mit kaltem PBS. Das verwendete PBS enthielt Calcium und Magnesium, um die interzellulären Bindungen und die Zelladhärenz an die Wachstumsfläche zu verstärken. So konnte ein Ablösen der Zellen während der Färbeschritte und der Fixierung verhindert werden. Nach dem ersten Waschschritt wurden die Zellen für 20 Minuten mit Paraformaldehyd 4% in PBS fixiert und anschließend erneut mit kaltem PBS gewaschen. Danach erfolgte die Permeabilisation der Zellmembran mit PBS und 0,1% Triton X für 10 Minuten, sodass der Farbstoff besser in die Zellen eindringen und das Zytoskelett der Zellen leichter gefärbt werden konnte. Nachfolgend wurden die Zellen erneut mit kaltem PBS gewaschen, um Überstände des Triton X zu entfernen. Anschließend erfolgte die Blockierung unspezifischer Bindungen durch Inkubation der Zellen mit 3% BSA in PBST für 45 Minuten. Nach Ablauf der Inkubationszeit wurde die Lösung abgenommen und verworfen. Der Fluoreszenzfarbstoff Phalloidin-iFluor wurde in einer Verdünnung von 1:1000 in Antikörper-Diluent gelöst und für eine Dauer von 60 Minuten auf die Zellen gegeben. Anschließend wurden die Zellen erneut mit kaltem PBS gewaschen und die Kammern und Überstände des Klebers vom Objektträger entfernt. Um ein Ausbleichen der Färbung zu verhindern, wurden die Zellen mit Antifade Shield Medium mit DAPI gegengefärbt. DAPI ist ein Farbstoff, der die DNA der Zellen färbt und so die Zellkerne sichtbar macht. Dann wurden die Zellen mit einem Deckgläschen abgedeckt und bis zur Detektion bei 4°C lichtgeschützt gelagert.

4.2.6.4 Detektion

Die Proben wurden mithilfe des Laser scanning Mikroskops LSM 780 (Carl Zeiss AG) mikroskopiert und anschließend auch fotografiert (Tab. 18). Die aufgenommenen Fotos wurden dann mit der Software Zen 12 Lite der Carl Zeiss AG bearbeitet und exportiert.

Kanal	1	2	4	
Kanalfarbe	blau	grün	rot	
Anregungswellenlänge [nm]	405	491	551	
Emissionswellenlänge [nm]	447	516	567	
Farbe		gefärbte Struktur		
Grün (Alexa-Flour 488)		F-Aktin		
Rot (PKH26)		Exosomen		
Blau (Dapi)		Zellkerne		
Gelb		Overlay von ro	tem und grüner	m Kanal

Tabelle 18: Einstellungen und Farblegende

5. Ergebnisse

5.1 Etablierung der Zellzahlen

Zunächst wurden die Zellzahlen für die verschiedenen Experimente in Abhängigkeit von den verwendeten Kulturgefäßen und Volumina etabliert (Tab. 19). Bei den Exosomenisolationen betrug die Konfluenz am Tag der Abnahme des Exosomen-depletierten Mediums 90 bis 95 Prozent (Abb. 19 und 20).

Methode/Experiment	Verwendete Gesamtzellzahl	
	786-O ^{WT}	786-O ^{PR}
Subkultivieren der Zellen		
Wachstumsfläche 25 cm ²	4 Tage: 4 • 10 ⁴	4 Tage: 8 • 10 ⁴
	3 Tage: 1 • 10⁵	3 Tage: 1,5 • 10⁵
Wachstumsfläche 75 cm ²	4 Tage: 1,2 • 10⁵	4 Tage: 2 • 10 ⁵
	3 Tage: 2 • 10⁵	3 Tage: 3 • 10⁵
Wachstumsfläche 500 cm ²	6 Tage: 3 • 10⁵	7 Tage: 3 • 10 ⁵
WST-1-Assays	1 • 10 ³	1 • 10 ³
Funktionelle Assays	1,4 • 10 ⁴	
12-Well-Platte		
Uptake-Assay	7 • 10 ³	
4-Kammer-Objektträger		

Tabelle 19: Verwendete Zellzahlen für sämtliche Methoden/Experimente

Abbildung 19: Konfluenz von 786-O^{WT} am Tag der Abnahme des Exosomen-depletierten Mediums (beispielhaft)



Abbildung 20: Konfluenz von 786-O^{PR} am Tag der Abnahme des Exosomen-depletierten Mediums (beispielhaft)



5.2 Überprüfung der Resistenz gegen Pazopanib in der Zelllinie 786-O nach Langzeitbehandlung

Die Zelllinie 786-O wurde in unserer Arbeitsgruppe von Dr.rer.nat. Bozhena Vynnytska-Myronovska über einen Zeitraum von 3 Monaten mit Pazopanib [14 µM] behandelt, um eine Resistenz gegen den Tyrosinkinaseinhibitor zu induzieren.

Im ersten Teil der Arbeit sollte zunächst die erzeugte Resistenz der Zelllinie 786-O^{PR} gegen Pazopanib nachgewiesen werden. Dazu wurden 786-O^{WT}- und 786-O^{PR}-Zellen für eine Dauer von 72 Stunden mit verschiedenen Pazopanib-Konzentrationen behandelt. Das Zellkulturmedium für die Zellen der Kontrollgruppe (CTR) enthielt DMSO der jeweils gleichen Konzentration. Nach 72 Stunden erfolgte die Messung der Absorptionswerte mittels WST-1-Assay.

5.2.1 Zellviabilitätswerte von 786-O^{PR} im Vergleich zu 786-O^{WT} bei steigenden Pazopanib-Konzentrationen

Um das Verhalten der Zelllinien 786-O^{WT} und 786-O^{PR} bei steigenden Pazopanib-Konzentrationen zu beurteilen, wurden insgesamt 3 unabhängige Experimente durchgeführt.

1. Experiment: Mit zunehmender Pazopanib-Konzentration sinkt die Zellviabilität bei beiden Zelllinien (Abb. 21). 786-O^{PR} zeigt bei einer Konzentration von 22 μ M mit 47,7% den niedrigsten Zellviabilitätswert. Bei 786-O^{WT} ist die niedrigste Zellviabilität ebenfalls bei 22 μ M zu finden (25,4%).

786-O^{PR} weist bei allen Konzentrationen eine höhere Zellviabilität als 786-O^{WT} auf. Der prozentuale Unterschied der Zellviabilität zwischen den beiden Zelllinien beträgt minimal 6,3% bei 14 μ M und maximal 22,3% bei 22 μ M.

62

Abbildung 21: % Zellviabilität der Zelllinien 786-O^{WT} (blau) und 786-O^{PR} (rot) in Prozent (y-Achse) nach 72stündiger Behandlung mit Pazopanib unter verschiedenen Konzentrationen (x-Achse) (Experiment 1) Mittelwerte aus 2 unabhängigen biologischen Replikaten, je 3 techn. Replikate pro Zelllinie Kontrolle (CTR) enthielt DMSO [7%]



2. Experiment: Die Zellviabilität von 786-O^{PR} liegt stets über der Zellviabilität von 786-O^{WT}, wobei die beobachteten prozentualen Unterschiede minimal 14% bei 22 μ M und maximal 18,7% bei 7 μ M betragen (Abb. 22). 786-O^{PR} zeigt bei einer Konzentration von 14 μ M mit 36,6% den niedrigsten Zellviabilitätswert. Bei 786-O^{WT} ist die niedrigste Zellviabilität ebenfalls bei 14 μ M zu finden (20,5%).

Im Gegensatz zum Vorexperiment zeigte sich ein Anstieg der Zellviabilität unter höheren Pazopanib-Konzentrationen.

Abbildung 22: % Zellviabilität der Zelllinien 786-O^{WT} (blau) und 786-O^{PR} (rot) in Prozent (y-Achse) nach 72stündiger Behandlung mit Pazopanib unter verschiedenen Konzentrationen (x-Achse) (Experiment 2) Mittelwerte aus 2 unabhängigen biologischen Replikaten, je 3 techn. Replikate pro Zelllinie Kontrolle (CTR) enthielt DMSO [7%]



3. Experiment: Mit zunehmender Pazopanib-Konzentration sinkt die Zellviabilität beider Zelllinien kontinuierlich (Abb. 23). 786- O^{PR} zeigt bei einer Konzentration von 22 µM mit 66,3% den niedrigsten Zellviabilitätswert. Übereinstimmend mit den Ergebnissen der Vorexperimente zeigt 786- O^{PR} auch im dritten Experiment stets eine höhere Zellviabilität als 786- O^{WT} . Der minimale prozentuale Unterschied beträgt hier 7,5% bei 7 µM, der maximale prozentuale Unterschied beträgt 13,3% bei 14 µM.

Abbildung 23: % Zellviabilität der Zelllinien 786-O^{WT} (blau) und 786-O^{PR} (rot) in Prozent (y-Achse) nach 72stündiger Behandlung mit Pazopanib unter verschiedenen Konzentrationen (x-Achse) (Experiment 3) Mittelwerte aus 2 unabhängigen biologischen Replikaten, je 3 techn. Replikate pro Zelllinie Kontrolle (CTR) enthielt DMSO [7%].



In Zusammenschau der Ergebnisse aus drei Experimenten wird unter steigenden Pazopanib-Konzentrationen ein klarer Trend zu einem erhöhten Überleben von 786-O^{PR} im Vergleich zu 786-O^{WT} deutlich.

5.2.2 IC50 von 786-OPR im Vergleich zu 786-OWT

Zur Berechnung der IC50 (= Konzentration, die das Zellwachstum um 50% hemmt) wurden in einem Diagramm die Zellviabilitätswerte (x-Achse) und die verwendeten Pazopanib-Konzentrationen (y-Achse) aufgetragen. Durch das Einfügen einer polynomischen Trendlinie ergab sich eine Annäherungsgleichung für den jeweiligen Graphen (Abb. 24 und 25). Mithilfe der Annäherungsgleichungen konnte dann die IC50 berechnet werden (Tab. 20).

Für das Experiment 2 konnte aufgrund der ansteigenden Zellviabilitätswerte bei höheren Pazopanib-Konzentrationen (vgl. Abb. 22) keine Trendlinie generiert werden, die die gemessenen Werte annähernd korrekt repräsentieren könnte. Eine mathematische Berechnung der IC50 war daher nicht möglich.

Abbildung 24: Konzentration Pazopanib [µM] (y-Achse) mit korrespondierender Zellviabilität [%] (x-Achse) von 786-O^{WT} (2 biologische Replikate, WT 1 und 2) und zugehörige polynomische Trendlinie (Poly. (WT 1 und 2)) Polynomische Trendlinien generiert durch Microsoft® Excel®, Mittelwerte aus je 3 techn. Replikaten pro Zelllinie



Abbildung 25: Konzentration Pazopanib [µM] (y-Achse) mit korrespondierender Zellviabilität [%] (x-Achse) von 786-O^{PR} (2 biologische Replikate, Paz 1 und 2) und zugehörige polynomische Trendlinie (Poly. (Paz 1 und 2)) Polynomische Trendlinien generiert durch Microsoft® Excel®, Mittelwerte aus je 3 techn. Replikaten pro Zelllinie



Tabelle 20: Annäherungsgleichung und Bestimmtheitsmaß für polynomische Trendlinien (Experiment 1)

Experiment 1	Annäherungsgleichung	Bestimmtheitsmaß (R ²)
786-O ^{WT} (Biol. Replikat 1)	$y = 0,0013x^2 - 0,4353x + 30,701$	0,9126
786-O ^{WT} (Biol. Replikat 2)	$y = -0,0006x^2 - 0,1845x + 24,869$	0,6453
786-O ^{PR} (Biol. Replikat 1)	$y = 0,0066x^2 - 1,3869x + 72,846$	0,8865
786-O ^{PR} (Biol. Replikat 2)	$y = 0,011x^2 - 2,0482x + 95,38$	0,8136

Die IC50 von 786-O^{PR} liegt mit 20,4 μ M signifikant über der IC50 von 786-O^{WT} mit 13,2 μ M (p = 0,02) (Abb. 26).



Abbildung 26: Berechnete IC50 [μM] (y-Achse) der Zelllinien 786-O^{WT} (blau) und 786-O^{PR} (rot) (x-Achse) (Experiment 1) Mittelwerte aus 2 unabhängigen biologischen Replikaten, jeweils 3 technische Replikate pro Zelllinie

Für die Auswertung des 3. Experiments ergab sich, analog zum 1. Experiment, mithilfe einer polynomischen Trendlinie für 786-O^{WT} (Abb. 27) und 786-O^{PR} (Abb. 28) jeweils eine Annäherungsgleichung (Tab. 21)





Abbildung 28: Konzentration Pazopanib [µM] (y-Achse) mit korrespondierender Zellviabilität [%] (x-Achse) von 786-O^{PR} (2 biologische Replikate, Paz 1 und 2) und zugehörige polynomische Trendlinie (Poly. (Paz 1 und 2)) Polynomische Trendlinien generiert durch Microsoft® Excel®, Mittelwerte aus je 3 techn. Replikaten pro Zelllinie



Tabelle 21: Annäherungsgleichung und Bestimmtheitsmaß für polynomische Trendlinien(Experiment 3)

Experiment 2	Annäherungsgleichung	Bestimmtheitsmaß (R ²)
786-O ^{WT} (Biol. Replikat 1)	$y = 0,0106x^2 - 2,1354x + 107,77$	0,9771
786-O ^{WT} (Biol. Replikat 2)	$y = 0,0008x^2 - 0,5478x + 47,09$	0,9502
786-O ^{PR} (Biol. Replikat 1)	$y = -0,0008x^2 - 0,51x + 59,07$	0,9886
786-O ^{PR} (Biol. Replikat 2)	$y = 0,0061x^2 - 1,5884x + 98,384$	0,9826

Die IC50 von 786-O^{PR} liegt mit 32,9 μ M über der IC50 von 786-O^{WT} mit 24,6 μ M (Abb. 29). Jedoch wurde keine statistische Signifikanz erreicht (p = 0,12).

Abbildung 29: Berechnete IC50 [µM] (y-Achse) der Zelllinien 786-O^{WT} (blau) und 786-O^{PR} (rot) (x-Achse) (Experiment 3) Mittelwerte aus 2 unabhängigen biologischen Replikaten, jeweils 3 technische Replikate pro Zelllinie



Tabelle 22: Berechnete IC50 [µM] von 786-OWT und 786-OPR (Experiment 1 und 3)

IC 50			
786-O ^{WT} 786-O ^{PR}			
Experiment 1	13,2 µM	20,4 µM	
Experiment 3	24,6 µM	32,9 µM	

Im Vergleich beider Zelllinien zeigt 786-O^{PR} in beiden Experimenten eine höhere IC50 als 786-O^{WT} (Tab. 22). 786-O^{PR} weist nach wie vor eine Resistenz gegen Pazopanib auf.

Nach Zusammenfassung der Ergebnisse aus den Experimenten 1 bis 3 und Auftragung der Zellviabilitätswerte (x-Achse) gegen die Pazopanib-Konzentration (y-Achse) wurde pro Zelllinie eine polynomische Trendlinie generiert (Abb. 30).

Entsprechend der Auswertung der Einzelergebnisse ergeben sich für 786-O^{WT} und 786-O^{PR} jeweils eine Annäherungsgleichung (Tab. 23). Anhand der Annäherungsgleichung wurde dann die IC50 berechnet (Abb. 31).

Abbildung 30: Konzentration Pazopanib [μ M] (y-Achse) mit korrespondierender Zellviabilität [%] (x-Achse) von 786-O^{WT} (blau) und 786-O^{PR} (rot) (Kombinierte Ergebnisse Experiment 1 – 3, n = 3) und zugehörige polynomische Trendlinien (Poly. (WT 1 und 2), Poly (Paz 1 und 2)) Polynomische Trendlinien generiert durch Microsoft® Excel®, Mittelwerte aus je 3 techn. Replikaten pro Zelllinie



Tabelle 23: Annäherungsgleichung und Bestimmtheitsmaß für polynomische Trendlinien

 (Kombinierte Ergebnisse aus Experimenten 1-3, Polynomische Trendlinien generiert durch Microsoft® Excel®)

Experiment 1-3	Annäherungsgleichung	Bestimmtheitsmaß (R ²)
786-O ^{WT}	y = 0,0146x ² - 2,3798x + 91,719	0,9885
786-0 ^{PR}	y = 0,0244x ² - 4,197x + 176,12	0,9959

Abbildung 31: Berechnete IC50 [μ M] (y-Achse) der Zelllinien 786-O^{WT} (blau) und 786-O^{PR} (rot) (x-Achse) (Kombinierte Ergebnisse Experiment 1 – 3, n = 3)

Mittelwerte aus 6 unabhängigen biologischen Replikaten pro Zelllinie, je 3 techn. Replikate pro Zelllinie



Die IC50 beträgt 9,2 µM (786-O^{WT}) im Vergleich zu 27,3 µM (786-O^{PR}) (Abb. 31).

Abbildung 32: % Zellviabilität der Zelllinien 786-O^{WT} (blau) und 786-O^{PR} (rot) in Prozent (y-Achse) nach 72stündiger Behandlung mit Pazopanib [14 μ M] (x-Achse) (Zusammenfassung Experiment 1-3) Mittelwerte aus drei unabhängigen Experimenten (n = 3), pro Experiment zwei biologische Replikate mit jeweils drei technischen Replikaten pro Zelllinie Kontrolle (CTR) enthielt DMSO [7%].



Bereits in der Kontrollgruppe zeigt 786-O^{PR} eine leicht erhöhte Zellviabilität von 106,3% im Vergleich zu 786-O^{WT}-Zellen.

Eine Behandlung mit Pazopanib dezimiert das Zellwachstum beider Zelllinien (Abb. 32). Unter Behandlung mit Pazopanib (14 μ M) haben 786-O^{PR} mit 61,2% jedoch eine höhere Zellviabilität als sensitive 786-O-Zellen mit 46,7% (p = 0,21).

In den Experimenten wurde nachgewiesen, dass eine Pazopanib-Konzentration von 14 μ M die Zellviabilität von 786-O^{WT} auf 50% reduziert. Damit entspricht die verwendete Konzentration von 14 μ M der IC50 von 786-O^{WT}. 786-O^{PR} zeigt bei dieser Konzentration im Vergleich ein höheres Überleben.

5.3 Isolation und Charakterisierung der Exosomen

Zunächst wurde die Qualität der Exosomenisolation überprüft.

5.3.1 Nanoparticle tracking analysis (NTA)

Pro Zelllinie wurden jeweils zwei Proben mit unterschiedlichen Verdünnungen (1:100 und 1:500) gemessen, um die Messgenauigkeit zu erhöhen.

Abbildung 33: NTA-Messung der Exosomenkonzentration pro ml, Ergebnisse einer einzelnen Messung (n = 1) Exosomen von 786-O^{WT}: Verdünnung 1:500 (links), Verdünnung 1:100 (rechts) Konzentration der Partikel pro Milliliter (y-Achse) abhängig von der Partikelgröße in Nanometer (x-Achse) Peak des Graphen zeigt die Partikelgröße, deren Konzentration am höchsten (am häufigsten vorhanden) ist.



786-O^{WT} zeigt in der Verdünnung 1:500 einen deutlichen Peak bei 115 nm (Abb. 33). Weitere kleine Peaks sind bei 292 nm, 350 nm und 404 nm zu erkennen.

In der niedrigeren Verdünnung 1:100 ist ein Peak bei 132 nm zu sehen. Hier wurden weitere Peaks bei 189 nm und 339 nm detektiert.
Abbildung 34: NTA-Messung der Exosomenkonzentration pro ml, Ergebnisse einer einzelnen Messung (n = 1) Exosomen von 786-O^{PR}: Verdünnung 1:500 (links), Verdünnung 1:100 (rechts) Konzentration der Partikel pro Milliliter (y-Achse) abhängig von der Partikelgröße in Nanometer (x-Achse) Peak des Graphen zeigt die Partikelgröße, deren Konzentration am höchsten (am häufigsten vorhanden) ist.



In der Messung von 786-O^{PR}-Exosomen im Verdünnungsverhältnis 1:500 liegt ein deutlicher Peak bei 128 nm (Abb. 34). Ein weiterer Peak wird mit 290 nm angegeben. In der niedrigeren Verdünnung (1:100) der 786-O^{PR}-Exosomen ist der höchste Peak bei 126 nm zu sehen. Ein zweiter Peak ist bei 304 nm zu erkennen.

Tabelle 24: Messergebnisse der NTA, Exosomen von 786- O^{WT} und 786- O^{PR} Ergebnisse einer einzelnen Messung (n = 1)

Verdünnung		786-O ^{w⊤} Partikel/ml	786-O ^{PR} Partikel/ml
1:100	Mittelwert +/- SD	153.6 +/- 4.2 nm	147.6 +/- 2.6 nm
	Modus +/- SD	134.0 +/- 6.5 nm	122.3 +/- 4.4 nm
1:500	Mittelwert +/- SD	150.5 +/- 3.3 nm	143.5 +/- 2.8 nm
	Modus +/- SD	116.6 +/- 7.8 nm	123.2 +/- 4.8 nm

Mit dem Konzentrations-Peak bei 115 nm (1:500) und 132 nm (1:100) für Exosomen von 786- O^{WT} und für die Exosomen von 786- O^{PR} mit einem Peak bei 128 nm (1:500) und 126 nm (1:100) entsprechen die Größen den in der Literatur gängigen Angaben von 50 – 150 nm (Tab. 24).

Tabelle 25: Gemessene Partikel/ml, Exosomen von 786- O^{WT} und 786- O^{PR} Ergebnisse einer einzelnen Messung (n = 1)

Verdünnung	786-O ^{wt} Partikel/ml	786-O ^{PR} Partikel/ml
1:100	2,25 • 10 ¹¹	3,23 • 10 ¹¹
Standard Error	±1,49 • 10 ¹⁰	± 1,72 • 10 ¹⁰
1:500	3,43 • 10 ¹¹	5,27 • 10 ¹¹
Standard Error	± 2,32 • 10 ¹⁰	± 4,16 • 10 ¹⁰
Mittelwerte	2,84 • 10 ¹¹	4,25 • 10 ¹¹

Unabhängig von der Verdünnung sind in der Probe der 786-O^{PR}-Exosomen mehr Partikel als in der Probe der 786-O^{WT}-Exosomen enthalten (Tab. 25).

Um die Partikelkonzentrationen ins Verhältnis zu den vorhandenen Zellzahlen setzen zu können, wurden sowohl von 786-O^{WT} als auch von 786-O^{PR} nach Abnahme des ED-Mediums zur Exosomenisolation an Tag 8 bei 2 (786-O^{PR}), beziehungsweise bei 3 (786-O^{WT}) unabhängigen Experimenten die Zellzahlen bestimmt. Die Messungen der NTA geben die Partikelkonzentration pro Milliliter an. In den verwendeten Triple Flasks wurde für die gesamte Dauer der Experimente jeweils 80 ml des Zellkulturmediums verwendet, sodass die Partikelzahl mit 80 multipliziert werden muss, um die Gesamtpartikelzahl zu erhalten.

Tabelle 26: Partikel/Zelle von 786-OWT und 786-OPR

	786-O ^{wt}	786-0 ^{PR}
Zellzahlen (Mittelwerte)	3,47 • 10 ⁷	4,5 • 10 ⁷
Gesamtpartikelzahl	2,27 • 10 ¹³	3,4 • 10 ¹³
(Partikel/80 ml)		
Partikel im Verhältnis zu	6,5 • 10 ⁵	7,5 • 10 ⁵
Zellen	Partikel/Zelle	Partikel/Zelle

Auch im Verhältnis zur Zellzahl sezernieren 786-O^{PR}-Zellen mehr Exosomen als 786-O^{WT}-Zellen (Tab. 26).

5.3.2 Immunoblot

Abbildung 35: Immunoblots von 786- O^{WT} -Exosomen/786- O^{WT} -Zelllysat (WCL) und 786- O^{PR} -Exosomen/786- O^{PR} -Zelllysat (WCL) aus einem unabhängigen Experiment (n = 1)



Zur Überprüfung der Reinheit wurde die Expression des Markers GM130 untersucht. GM130 wurde in den Zelllysat-Proben beider Zelllinien nachgewiesen, in den Exosomenproben hingegen nicht. Zur weiteren Charakterisierung der Isolationsproben wurde die Expression der exosomalen Marker CD63, und Syntenin untersucht (Abb. 35). Beide Proteine wurden in den jeweiligen Isolationsproben von 786-O^{WT} und 786-O^{PR} exprimiert. Bei 786-O^{PR}-Exosomen zeigt sich eine geringere Proteinkonzentration als bei 786-O^{WT}-Exosomen, gemessen an den GAPDH-Konzentrationen. Zusätzlich wurde die Expression von MET und AxI untersucht. Beide Proteine wurden in den Zelllysatproben von 786-O^{WT} und 786-O^{PR} exprimiert, bei den Exosomenproben fehlt das Signal. Im dargestellten Blot ist bei AxI und MET in der Zelllysatprobe von 786-O^{PR} ein deutlich stärkeres Signal zu erkennen als bei 786-O^{WT}. Im Vergleich zur Loading Control mit GAPDH, die bei beiden Zelllinien ähnlich stark exprimiert wird, zeigt sich daher eine erhöhte Expression von AxI und MET bei 786-O^{PR}, wobei das Signal bei AxI noch stärker ist als bei MET.

Es wurde auch die Expression von CD81 untersucht, jedoch kein Signal nachgewiesen.

5.4 Nachweis der Aufnahme von Exosomen Pazopanib-resistenter 786-O-Zellen in sensitive 786-O-Zellen

Im dritten Teil der Arbeit wurde nachgewiesen, dass die Exosomen von 786-OPR in die sensitiven 786-O^{WT}-Zellen aufgenommen worden sind (Abb. 37).

Abbildung 36: Nachweis der Aufnahme von Exosomen resistenter 786-O-Zellen in sensitive Zellen Negativkontrolle 786-O^{WT-}Zellen (grün, F-Aktin) wurden für 24 Stunden mit PBS inkubiert. Zellkernfärbung erfolgte mit DAPI.

Bilder aufgenommen mit Laserscanning Mikroskop LSM 780 (Carl Zeiss AG)



Abbildung 37: Nachweis der Aufnahme von Exosomen resistenter 786-O-Zellen in sensitive Zellen 786-O^{WT}-Zellen (grün, F-Aktin) wurden für 24 Stunden mit Exosomen von 786-O^{PR} (gelb) inkubiert. Zellkernfärbung erfolgte mit DAPI.

Bilder aufgenommen mit Laserscanning Mikroskop LSM 780 (Carl Zeiss AG)



5.5 Analyse der Effekte der Exosomen resistenter 786-O-Zellen auf die Zellviabilität sensitiver Zellen

Nachdem eine Aufnahme der Exosomen in die Zellen nachgewiesen wurde, sollten im vierten Teil der Arbeit die Effekte der Exosomen auf die Zellviabilität von 786-O^{WT} -Zellen analysiert werden.

Bei Stimulation mit Exosomen von 786-O^{WT} nimmt die Zellviabilität im Vergleich zur Kontrolle (PBS) ab (Abb. 38. Experimente 1+2 zusammengefasst). Je höher die Exosomenkonzentration, desto stärker wird die Zellviabilität eingeschränkt. Bei Stimulation mit 8 µg/ml 786-O^{WT}-Exosomen nimmt die Zellviabilität ab (100% auf 74,9% (p = 0,888)). Eine Stimulation mit 20 µg/ml 786-O^{WT}-Exosomen führt zu einer weiteren Abnahme, sodass die Zellviabilität noch bei 47,1% liegt (p=0,074). Nach Stimulation mit 8 µg/ml 786-O^{PR}-Exosomen steigt die Zellviabilität im Vergleich zur Kontrolle von 100% auf 159,8% an (p = 0,026). Im Vergleich der Effekte von WT-Exosomen und PR-Exosomen (8 µg/ml) liegt eine signifikante Steigerung der Zellviabilität von 74,9% auf 159,8% vor (p < 0,001). Eine Stimulation mit 20 µg/ml 786-OPR-Exosomen führt zu einer Senkung der Zellviabilität im Vergleich zur PBS-Kontrolle, die Zellviabilität liegt hier noch bei 88,3% (p = 0,999). Eine höhere Konzentration von 786-O^{PR}-Exosomen senkt die Zellviabilität von 159,8% auf 88,3% (p = 0,003).

Abbildung 38: Zellviabilität [%] (y-Achse) von 786-O^{WT}-Zellen nach Stimulation mit PBS (grün)/Exosomen von 786-O^{WT} (blau) bzw. 786-O^{PR} (rot) in den Konzentrationen 8 μg/ml und 20 μg/ml (x-Achse), anschließend Kultivierung mit DMSO-haltigem Zellkulturmedium (Kontrolle)

Mittelwerte \pm SD berechnet aus den Ergebnissen von 2 unabhängigen Experimenten (n = 2) Zellviabilität der PBS-CTR wurde auf 100% normiert, die anderen Werte jeweils in Bezug zur CTR gesetzt Berechnung der p-Werte durch One-Way-ANOVA unter Verwendung des Tukey post-hoc-Tests # p < 0,05, ## p < 0,01, ### p < 0,001



Die Behandlung mit Pazopanib senkt die Zellviabilität aller Zellen (Abb. 39, Experimente 1+2 zusammengefasst). Nach Stimulation mit 8 μ g/ml 786-O^{WT}-Exosomen erhöht sich die Zellviabilität etwas auf 20,3% (p = 1,0). Bei höheren Konzentrationen der 786-O^{WT}-Exosomen konnte kein Einfluss auf die Zellviabilität im Vergleich zur PBS-Kontrolle beobachtet werden (17,9% bei PBS-CTR, 17,5% bei 20 μ g/ml 786-O^{WT}-Exosomen (p = 1,0)).

Nach Behandlung mit 786-O^{PR}-Exosomen konnte eine Tendenz zur Steigerung der Zellviabilität unter Pazopanib-Behandlung beobachtet werden: Bei Exosomenkonzentrationen von 8 μ g/ml beträgt die Zellviabilität 33,5% (p = 0,995), bei 20 μ g/ml 22,2% (p = 1,0).

Abbildung 39: Zellviabilität [%] (y-Achse) von 786-O^{WT}-Zellen nach Stimulation mit PBS (grün)/Exosomen von 786-O^{WT} (blau) bzw. 786-O^{PR} (rot) in den Konzentrationen 8 μg/ml und 20 μg/ml (x-Achse), anschließend Behandlung mit Pazopanib [14 μM] für 72 Stunden

Mittelwerte ±SD berechnet aus den Ergebnissen von 2 unabhängigen Experimenten (n = 2) Zellviabilität der PBS-CTR (DMSO) wurde auf 100% normiert, die anderen Werte jeweils in Bezug zur CTR gesetzt



Die Zellviabilität nach Pazopanib-Behandlung sinkt in allen Untersuchungsarmen (Abb. 40, Experimente 1+2 zusammengefasst). Innerhalb der PBS-Kontrolle (p < 0,001), sowie bei den Zellen, die mit Exosomen von 786-O^{PR} stimuliert wurden, nahm die Zellviabilität signifikant ab (8 μ g/ml (p < 0,001) und 20 μ g/ml (p = 0,009)). Die Effekte durch Pazopanib nach Stimulation mit Exosomen von 786-O^{WT} waren für beide Konzentrationen nicht signifikant (8 μ g/ml (p = 0,058) und 20 μ g/ml (p = 0,753)).

Abbildung 40: Zellviabilität [%] (y-Achse) von 786-O^{WT}-Zellen nach Stimulation mit PBS (grün)/Exosomen von 786-O^{WT} (blau) bzw. 786-O^{PR} (rot) in den Konzentrationen 8 μ g/ml und 20 μ g/ml (x-Achse), anschließend Kultivierung mit DMSO-haltigem Zellkulturmedium (Kontrollgruppe, monochrome Säulen) oder Behandlung mit Pazopanib [14 μ M] (schraffierte Säulen) für 72 Stunden

Mittelwerte \pm SD berechnet aus den Ergebnissen von zwei unabhängigen Experimenten (n = 2) Berechnung der p-Werte erfolgte durch One-Way-ANOVA unter Verwendung des Tukey post-hoc-Tests * p < 0,05, ** p < 0,01, *** p < 0,001



Im dritten Experiment zeigte sich nach Stimulation mit WT-Exosomen in der DMSO-Kontrolle eine Steigerung der Zellviabilität auf 272,3% bei einer Exosomenkonzentration von 8 μ g/ml (p = 0,013) (Abb. 41). Bei höheren Konzentrationen von 20 μ g/ml zeigt sich eine Tendenz zur Steigerung der Zellviabilität auf 136,6% (p = 0,995) im Vergleich zur Kontrolle mit PBS.

Unter Pazopanib-Behandlung ergibt sich keine Änderung der Zellviabilität im Vergleich zur Kontrolle mit PBS (p = 1,0).

Nach Stimulation mit Exosomen von 786-O^{PR} zeichnet sich ein Trend zur Steigerung der Zellviabilität im Vergleich zur Kontrollgruppe ab. Die DMSO-Kontrolle zeigt bei Stimulation der 786-O^{WT}-Zellen mit 8 µg/ml Exosomen von 786-O^{PR} eine Zellviabilität von 208,4% (p = 0,262). Bei der höheren Konzentration von 20 µg/ml kann kein Einfluss auf die Zellviabilität beobachtet werden (100 % bei PBS-CTR, 96,9% nach 20 µg/ml 786-O^{PR}-Exosomen, p = 1,0). Unter Pazopanib-Behandlung ist der Einfluss auf die Zellviabilität geringer ausgeprägt: bei niedriger Exosomenkonzentration kann die Zellviabilität im Vergleich zur PBS-Kontrolle tendenziell von 27,0% auf 36,0% leicht angehoben werden (p = 1,0). Bei höherer Exosomenkonzentration liegt kein Einfluss auf die Zellviabilität im Vergleich zur PBS-Kontrolle vor (p = 1,0).

Abbildung 41: Zellviabilität [%] (y-Achse) von 786-O^{WT}-Zellen nach Stimulation mit PBS (grün)/Exosomen von 786-O^{WT} (blau) bzw. 786-O^{PR} (rot) in den Konzentrationen 8 μ g/ml und 20 μ g/ml (x-Achse), anschließend Kultivierung mit DMSO-haltigem Zellkulturmedium (Kontrollgruppe, monochrome Säulen) oder Behandlung mit Pazopanib [14 μ M] (schraffierte Säulen) für 72 Stunden

Mittelwerte \pm SD berechnet aus den Ergebnissen eines unabhängigen Experiments (n = 1) Berechnung der p-Werte erfolgte durch One-Way-ANOVA unter Verwendung des Tukey post-hoc-Tests * p < 0,05, ** p < 0,01, *** p < 0,001



Nach Stimulation der 786-O^{WT}-Zellen mit 8 µg/ml Exosomen von 786-O^{PR} ist nach Behandlung mit Pazopanib ein Trend zur Steigerung der Zellviabilität im Vergleich zur PBS-Kontrolle zu erkennen (Abb. 42). Eine Stimulation mit der höheren Dosis resultiert wiederum in einer Senkung der Zellviabilität.

In der Kontrollgruppe mit DMSO resultiert eine Stimulation mit 786-O^{PR}-Exosomen niedrigerer Konzentration (8 µg/ml) in einer Erhöhung der Zellviabilität von 100% auf 167,0% (p = 0,062). Bei Verwendung der höheren Exosomenkonzentration (20 µg/ml) wird die Zellviabilität im Vergleich zur PBS-Kontrolle allerdings um 10,4% auf 89,6% gesenkt (p = 0,998). Im Vergleich der Werte nach Stimulation der 786-O^{WT}-Zellen mit 8 µg/ml und 20 µg/ml PR-Exosomen (DMSO) zeigt sich ein signifikanter Unterschied in der Zellviabilität (p = 0,02).

Die Behandlung mit Pazopanib senkt die Zellviabilität der PBS-Kontrolle sehr stark auf 19,2% (p = 0,013). Pazopanib senkt auch die Zellviabilität der stimulierten Zellen: Bei 8 μ g/ml PR-Exosomen von 167,0% auf 33,8% (p < 0,001), bei 20 μ g/ml PR-Exosomen sinkt die Zellviabilität unter Pazopanib von 89,6% auf 23,0% (p = 0,064).

Die Stimulation mit PR-Exosomen resultiert im Vergleich zur PBS-Kontrolle in einer tendenziell gesteigerten Zellviabilität. Bei einer Exosomenkonzentration von 8 μ g/ml beträgt die Zellviabilität 33,8% im Vergleich zur PBS-Kontrolle (p = 0,988), bei 20 μ g/ml 23,0% (p = 1,0).

Abbildung 42: Zellviabilität [%] von 786-O^{WT}-Zellen nach Stimulation mit PBS (grün)/Exosomen von 786-O^{PR} (rot) in den Konzentrationen 8 μ g/ml und 20 μ g/ml (x-Achse), anschließend Kultivierung mit DMSO-haltigem Zellkulturmedium (Kontrollgruppe, monochrome Säulen) oder Behandlung mit Pazopanib [14 μ M] (schraffierte Säulen) für 72 Stunden

Mittelwerte \pm SD berechnet aus den Ergebnissen von drei unabhängigen Experimenten Berechnung der p-Werte erfolgte durch One-Way-ANOVA unter Verwendung des Tukey post-hoc-Tests * p < 0.05, ** p < 0.01, *** p < 0.001 (Effekte von Pazopanib) # p < 0.05, ## p < 0.01, ### p < 0.001 (Effekte der Exosomen)



6. Diskussion

Das Nierenzellkarzinom gehört zu den häufigsten Karzinomerkrankungen der westlichen Welt und ist in Deutschland unter den zehn häufigsten Tumorentitäten zu finden [50,53]. Im metastasierten Tumorstadium steht derzeit eine systemische Therapie mit Checkpoint-, Tyrosinkinase- oder mTOR-Inhibitoren zur Verfügung [10,104]. Ein großes Problem stellt die Resistenzentwicklung gegen Tyrosinkinaseinhibitoren dar: Nach durchschnittlich 6 bis 15 Monaten zeigen nahezu alle Patienten eine Therapieresistenz gegen Tyrosinkinaseinhibitoren [143].

Zur Kommunikation der Zellen dienen unter anderem extrazelluläre Vesikel, mit denen DNA, RNAs, Lipide und Proteine zwischen Zellen transportiert werden können [79,166,178]. Die interzelluläre Kommunikation mittels kleiner extrazellulärer Vesikel, so genannter Exosomen, kann möglicherweise zur Entwicklung einer Therapieresistenz beitragen [11]. In dieser Arbeit wurde untersucht, ob Exosomen einer Pazopanib-resistenten Nierenzellkarzinomzelllinie einen Einfluss auf die Zellviabilität sensitiver Zellen haben. Für die weitere Verbesserung des Überlebens von Patienten mit metastasiertem Nierenzellkarzinom ist es von großer Bedeutung, die Mechanismen der Resistenzentwicklung zu verstehen. Exosomen könnten hierbei als prädiktive Marker für das Therapieansprechen

und eine mögliche Therapieresistenz fungieren.

6.1 Methodische Optimierung der Versuchsabläufe

Zu Beginn der Arbeitsphase im Labor wurden die Zellzahlen für die verschiedenen Experimente etabliert. Die Verwendung der korrekten Zellzahl für die Experimente ist wichtig für die Vergleichbarkeit der Ergebnisse untereinander und gewährleistet darüber hinaus auch, dass die Ergebnisse der Experimente nicht durch zu hoch oder zu niedrig gewählte Zellzahlen verfälscht werden.

Für die Exosomenisolationen und die anschließende Durchführung der funktionellen Assays zur Überprüfung der Resistenzübertragung ist die Zellzahl ebenfalls von großer Bedeutung. führen Zu niedrig gewählte Zellzahlen in den Triple Flasks zu geringen Exosomenkonzentrationen im Zellkulturmedium, sodass nicht ausreichend Exosomen für die Stimulation der Zellen vorliegen. In den BCA-Ergebnissen der ersten Exosomenisolationen waren die Proteinkonzentrationen durchweg zu niedrig, um damit eine ausreichende Konzentration zur Stimulation der Zellen in den funktionellen Assays erreichen zu können. Für die folgenden Exosomenisolationen wurden daher zur Kultivierung der Zellen höhere Zellzahlen verwendet. Zu hoch gewählte Zellzahlen führen zu einer Überkonfluenz der Zellen.

Bei einer hohen Zelldichte kann es durch Kontaktinhibition zu einer Wachstumsverlangsamung oder einem Wachstumsstopp kommen [70]. Damit kann sich zum Einen die Sekretion von Exosomen reduzieren, zum Anderen führt dies möglicherweise auch zu einem Signalswitch innerhalb der produzierten Exosomen [63]. Um diese Einflüsse möglichst gering zu halten, wurden für die gesamte Dauer der Experimente stets gleichbleibende Zellzahlen verwendet.

Die Konfluenz der Zellen sollte am Tag der Abnahme des Exosomen-depletierten Mediums zur Exosomenisolation und an den Tagen des Zellsplittings etwa 90 - 95% betragen.

Zur Isolation von extrazellulären Vesikeln stehen neben der in dieser Arbeit verwendeten Ultrazentrifugation noch andere Methoden zur Verfügung. Dazu zählen beispielsweise die Polymer-Präzipitation, die oft in den Isolations-Kits verwendet wird, Isolationstechniken basierend auf Größenunterschieden (Size exclusion chromatography und Ultrafiltration) oder Immunoaffinity Chromatography, bei der das Prinzip der Antikörper-Bindung zur Isolation benutzt wird [179]. Die Methodenwahl hängt dabei von der weiteren Verwendung der Exosomen ab, als Goldstandard gilt jedoch derzeit die Ultrazentrifugation [179]. Die Exosomenisolation erfolgte anhand des etablierten Protokolls (Standard Operating Procedure, SOP) unserer Arbeitsgruppe, basierend auf einer differenziellen Zentrifugation mit anschließender Ultrazentrifugation.

Im fetalen Kälberserum (FCS), das als Bestandteil der Zellkulturmedien verwendet wurde, sind bereits extrazelluläre Vesikel vorhanden. Für die Exosomenisolation wurde zur Kultivierung der Zellen Exosomen-depletiertes FCS (ED-FCS) verwendet. So sollte eine Verfälschung der Ergebnisse durch die in FCS vorhandenen extrazellulären Vesikel ausgeschlossen werden. Der Entzug aller in FCS enthaltenen Exosomen kann allerdings auch einen hemmenden Einfluss auf die Migration und die Proliferation der Zellen haben [42,150]. Zusätzlich kann der abrupte Wechsel auf ED-FCS die Sekretion der Exosomen dezimieren [63]. Das Exosomen-depletierte Medium hat jedoch keinen direkten zytotoxischen Effekt innerhalb der ersten 48 Stunden [42]. In dieser Arbeit wurden 786-O-Zellen für 72 Stunden mit ED-FCS kultiviert und nach Abnahme des Zellkulturmediums zur Ultrazentrifugation nicht für Folgeexperimente verwendet. In Vorarbeiten unserer Arbeitsgruppe konnte für Harnblasenkarzinomzellen ebenfalls kein signifikanter Einfluss auf die Zellviabilität durch Verwendung von ED-FCS im Vergleich zu normalem FCS nachgewiesen werden [13].

6.2 Bestätigung der Resistenz gegen Pazopanib in der Zelllinie 786-O nach Langzeitbehandlung

786-O^{PR} zeigte bei steigenden Pazopanib-Konzentrationen im Vergleich zu 786-O^{WT} durchweg eine höhere Zellviabilität. Die Resistenz spiegelt sich auch in einer deutlich gesteigerten IC50 für 786-O^{PR} im Vergleich zu 786-O^{WT} wider. Somit konnte die durch Langzeitbehandlung mit Pazopanib induzierte Therapieresistenz bewiesen werden.

Die Möglichkeit einer Resistenzinduktion gegen Tyrosinkinaseinhibitoren in vormals sensitiven Zellen wurde bereits mehrmals experimentell für unterschiedliche Karzinome nachgewiesen. Eine Langzeitbehandlung zweier Zelllinien eines nicht-kleinzelligen Bronchialkarzinoms (NSCLC) mit dem Tyrosinkinaseinhibitor Erlotinib resultiert ebenfalls in einer Therapieresistenz [47]. Im Vergleich zu Erlotinib-sensitiven Zellen zeigte sich bei beiden Zelllinien konsekutiv eine 11- bis 22-fach höhere IC50 der Erlotinib-resistenten Zellen [47]. Vergleichbare Ergebnisse gibt es auch für den Tyrosinkinaseinhibitor Osimertinib bei Zelllinien eines NSCLC sowie für Crizotinib, Certinib und Alectinib [80,98]. In Bezug auf das Nierenzellkarzinom konnte ebenfalls eine Resistenzinduktion gegen den Tyrosinkinaseinhibitor Sorafenib bei 786-O- und ACHN-Zellen nachgewiesen werden [71]. Nach sechsmonatiger Behandlung von 786-O wiesen die resistent gewordenen Zellen mit 24,5 µmol/l eine deutlich höhere IC50 für Sorafenib als die sensitiven Zellen mit 8,5 µmol/l auf. Bei resistenten ACHN-Zellen betrug die IC50 10,48 µmol/l im Vergleich zu 1,95 µmol/l bei sensitiven ACHN-Zellen. Die Dauer der Initialbehandlung betrug in der o.g. Publikation allerdings 6 Monate, während die Zellen in dieser Arbeit lediglich für 3 Monate kontinuierlich behandelt worden sind.

Nach Absetzen der Therapie erreichen die Zellen nach durchschnittlich 12 Wochen wieder die ursprüngliche Sensibilität gegen Tyrosinkinaseinhibitoren [59,60]. Dieser Effekt konnte auch experimentell validiert werden [47].

Daher wurde die Zelllinie 786-O^{PR} für die gesamte Dauer der Experimente weiterhin kontinuierlich mit Pazopanib in einer Konzentration von 14 µM behandelt, um eine dauerhafte Resistenz der Zellen zu gewährleisten.

Zudem wurden die Experimente zur Resistenztestung und zur Analyse der Exosomeneffekte jeweils drei Mal unabhängig voneinander durchgeführt, um die statistische Aussagekraft zu erhöhen. Zusätzlich wurden pro Experiment jeweils drei technische Replikate pro Zelllinie untersucht, um Effekte durch technische Fehler zu minimieren.

Im dritten Experiment zeigt sich eine vergleichsweise hohe Zellviabilität beider Zelllinien auch bei hohen Pazopanib-Konzentrationen (niedrigster Wert 56,5% bei 786- O^{WT} , 22 µM), während im ersten Experiment die Zellviabilitätswerte unter 22 µM Pazopanib auf bis zu 25,4% (786- O^{WT}) gesenkt wurden.

Bei Einzelauswertung der jeweiligen Experimente weisen die IC50-Werte eine große Spannweite auf. Die generierten polynomischen Trendlinien bei Zusammenführung der Einzelergebnisse der Experimente 1 bis 3 beschreiben die Daten im Vergleich zu den Trendlinien der Einzelexperimente am genausten. Dies zeigt sich anhand der Determinationskoeffizienten von 0,9885 für 786-O^{WT} und 0,9959 für 786-O^{PR}, die beide nahezu 1 betragen.

Es wurde darauf geachtet, für die verschiedenen Experimente stets Zellen ähnlicher Passagen zu verwenden, um den Einfluss der Zellalterung möglichst gering zu halten. Alle Experimente zur Zellviabilität und des Resistenznachweises wurden bei Zellpassagen zwischen 60 und 71 durchgeführt. Die Reaktion der Zellen auf die Medikamentengabe kann zwischen den Experimenten jedoch variieren. Die große Streuung kann möglicherweise durch die Verwendung von Zellen niedrigerer Passage erklärt werden, die eine höhere Zellproliferationsrate aufweisen. Zusätzlich wurden unterschiedliche Chargen von Pazopanib-HCI verwendet. Ein Einfluss durch Herstellerunterschiede kann daher nicht ausgeschlossen werden. So sind möglicherweise auch paradoxe Reaktionen der Zellen auf höhere Pazopanib-Konzentrationen zu erklären, wie sie im zweiten Experiment zu beobachten waren.

Um mögliche Einflüsse durch variierende Medikamentenwirksamkeit gering zu halten, sollten in zukünftigen Experimenten alle Experimente mit Pazopanib ausschließlich einer Charge durchgeführt werden.

6.3 Isolation und Charakterisierung der Exosomen Pazopanib-sensitiver und Pazopanibresistenter 786-O-Zellen

In der NTA-Messung wurde nachgewiesen, dass die isolierten Partikel den Größenordnungen der Exosomen entsprechen. Darüber hinaus wurde auch die Anzahl der sezernierten Partikel in Abhängigkeit der Zellzahl bestimmt. Hier fiel auf, dass die resistente Zelllinie 786-O^{PR} mehr Exosomen sezerniert als 786-O^{WT}.

Die Größenbestimmung der Exosomen erfolgte mithilfe der Nanoparticle Tracking Analysis (NTA). Die Messung gibt sowohl die Größenverteilung als auch die Konzentration der einzelnen Partikel an [63]. Das Vorhandensein größerer Partikel führt zu einer geringeren Detektion kleinerer Partikel, da die Aufnahmekapazität der Kamera durch die größeren Partikel gesättigt ist [45,164]. Infolgedessen kann die Darstellung der Größenverteilung der Partikel verzerrt sein, wobei der Anteil großer Partikel über- und der Anteil kleiner Partikel unterschätzt wird [63]. Bei der Untersuchung derselben Exosomenprobe mit unterschiedlichen Standardmethoden zur Messung der Partikelgrößen und Partikelkonzentration können die Messergebnisse stark variieren, vergleicht man beispielsweise die Ergebnisse der Elektronenmikroskopie, NTA und Durchflusszytometrie miteinander [164]. Die Schwankungen sind mit den technischen Limitierungen der jeweiligen Methode zu erklären, da die minimal detektierbare Partikelgröße der jeweiligen Messmethoden voneinander abweicht [164]. Für NTA-Messungen liegt die untere Nachweisgrenze bei 50 nm, kleinere Partikel können durch das Mikroskop nicht erfasst werden [163]. Daher sind die präsentierten Ergebnisse der NTA-Messungen unter Vorbehalt einer gewissen Messungenauigkeit zu betrachten.

Die Exosomen, die in der NTA gemessen wurden, waren in PBS resuspendiert und anschließend erneut mit PBS verdünnt. Innerhalb der Arbeitsgruppe wurden die Vor- und Nachteile sowohl einer Fixierung der Exosomen in Paraformaldehyd als auch der Kryokonservierung besprochen. Aufgrund der Beobachtung einer Clusterbildung der Exosomen nach Kryokonservierung in vorangegangenen NTA-Messungen wurden die Exosomen unmittelbar vor der Messung isoliert. Auf eine Fixierung der Exosomen in Paraformaldehyd wurde verzichtet, da der zeitliche Abstand zwischen Exosomenisolation und NTA-Messung weniger als 48 Stunden betrug. Das Risiko eines möglichen Einflusses der PFA-Fixierung auf die Partikelgröße und -konzentration wurde daher eliminiert.

Diese Experimente müssen wiederholt werden, um statistisch valide Aussagen bezüglich der Konzentrationsunterschiede zwischen den resistenten und parentalen Zellen treffen zu können.

Mittels Immunoblot wurde die Expression der exosomalen Marker CD63 und Syntenin für Exosomen Pazopanib-sensitiver und -resistenter 786-O-Zellen nachgewiesen. Diese Beobachtung entsprach den erwarteten Ergebnissen.

Für das Tetraspanin CD63 als Transmembranprotein wird in Exosomen ebenso eine Anreicherung erwartet wie für Syntenin [111]. CD81 als weiterer Marker für Exosomen konnte hier nicht nachgewiesen werden. In der Chemolumineszenz-Detektion des Immunoblots wurde im CD81-markierten Bereich nach kurzer Belichtungszeit (ca. 5 Sekunden) kein Signal detektiert. Die zunächst vermutete Überlagerung der schwachen CD81-Bande durch das starke Signal anderer Marker hat sich nicht bestätigt. Selbst nach Erhöhung der Belichtungszeit auf 5 Minuten und einer Detektion über 60 Minuten konnte kein Signal nachgewiesen werden, das eindeutig CD81 zugeordnet werden konnte. Exosomale Marker lassen sich prinzipiell in ubiquitär vorkommende Proteine sowie spezifische Marker unterscheiden [41,157,179].

Als ubiquitär vorkommende Proteine für die Bildung und Sekretion von Vesikeln sind beispielsweise Hitzeschockproteine, Tetraspanine (CD63, CD81, CD9), ESCRT-abhängige Proteine (Alix) oder Integrine zu nennen. Spezifische Marker variieren entsprechend der Ursprungszelle der Exosomen und sind daher zellspezifisch (CD45, MHC) [165,179]. Die fehlende Expression von CD9 sowie die schwache Expression von CD81 bei 786-O stimmt mit den Ergebnissen von Vorarbeiten unserer Arbeitsgruppe überein [79].

Die Marker Axl und c-MET gehört zu einer Gruppe von Rezeptortyrosinkinasen, die die Zellproliferation, -invasion, -migration, -adhäsion und -überleben stimulieren [106,107]. In Vorarbeiten konnte nachgewiesen werden, dass ein hohes Expressionslevel von Axl gleichzeitig mit einer reduzierten Überlebensrate und Tumorprogression assoziiert ist [65,135]. Analog dazu wurde für c-MET ein erhöhtes Expressionslevel in Nierenzellkarzinomzellen gezeigt [54]. Auch in Bezug auf den Marker c-MET ist eine verstärkte Expression mit vermindertem Überleben und einer schlechteren Prognose assoziiert [54].

Sowohl in 786-O^{WT} als auch in 786-O^{PR} wurden Axl und c-MET in den jeweiligen Zelllysatproben exprimiert.

Vergleichbare Ergebnisse bezüglich der zellulären Expression von Axl und c-MET gibt es auch für chronisch Sunitinib-behandelte 786-O-Zellen [180]. Dort zeigte sich nach Behandlung von 786-O mit Sunitinib nach 2 Wochen eine verstärkte Expression. Darüber hinaus wurden auch Downstram-Signalwege von Axl und c-MET, AKT und ERK aktiviert. Diese Signalwege fördern das Wachstum, das Überleben und die Stoffwechselfunktionen von Tumorzellen [1][7][117]. Durch Behandlung mit Cabozantinib konnte die durch Sunitinib induzierte Aktivierung von Axl und c-MET aufgehoben werden.

Eine Expression in den Exosomen der jeweiligen Zelllinien wurde hingegen nicht beobachtet. In Hinsicht auf die Expression von Axl und c-MET auf Exosomen liegen zum aktuellen Zeitpunkt keine vergleichbaren Arbeiten vor. Allerdings konnte für die Resistenz gegen den Tyrosinkinaseinhibitor Sunitinib in Bezug auf das Nierenzellkarzinom bereits gezeigt werden, dass eine Therapieresistenz über lange nicht-kodierende RNA (IncRNA) vermittelt wird [140]. Die IncRNA, genannt IncARSR (IncRNA Activated in RCC with Sunitinib Resistance), wird in Sunitinib-resistenten Zellen im Vergleich zu Sunitinib-sensitiven Zellen vermehrt gefunden. Über eine kompetitive Bindung der miRNA-34 und miRNA-449 werden AXL/c-MET hochreguliert, was zu einer konsekutiven Aktivierung der STAT3, AKT, und ERK-Signalwege führt. Die Möglichkeit einer Resistenzübertragung über exosomalen Transport von IncARSR auf sensitive Zellen wurde bewiesen [140]. Eine Resistenzübertragung mittels exosomaler IncRNA bei Sunitinib stellt demzufolge ebenfalls eine Hypothese zur Resistenzübertragung bei Pazopanib dar. So sind in den Exosomen möglicherweise nicht Axl und c-MET selbst exprimiert, jedoch aber die IncARSR, die dann indirekt zur Hochregulation von Axl und c-MET in den Zellen führt.

Um diese Hypothese weiter zu überprüfen, sollte eine Expressionsanalyse von IncRNA und auch anderen nicht-kodierenden RNAs wie miRNAs in 786-O^{WT}- im Vergleich zu 786-O^{PR} und der zugehörigen Exosomen durchgeführt werden. Einen möglichen Lösungsansatz für die Überwindung einer Therapieresistenz stellt eine Behandlung mit einer gegen IncARSR oder Axl/c-MET gerichteten Locked Nucleic Acid (LNA) dar [140]. Durch diese Behandlung konnte die Sunitinib-Sensitivität wieder hergestellt werden. Locked Nucleic Acid (Deutsch: verbrückte Nukleinsäure) bezeichnet eine künstliche Nukleinsäure mit modifizierten Nukleotiden. Eine Bestätigung des beschriebenen Zusammenhangs für Pazopanib-resistente RCC-Zellen stellt daher neben einer Erklärung der Resistenzentwicklung zusätzlich auch eine Therapieoption zur Beseitigung der Tyrosinkinaseinhibitorresistenz dar.

Eine quantitative Analyse des Expressionsunterschieds von Axl und c-MET zwischen 786-O^{WT} WCL und 786-O^{PR} WCL kann zusätzliche Hinweise bezüglich der Auswirkungen einer chronischen Pazopanib-Behandlung auf die Veränderungen der Signalwege liefern. Um die statistische Aussagekraft zu erhöhen, müsste eine mehrmalige Wiederholung der Expressionsanalyse erfolgen.

6.4 Nachweis der Aufnahme von Exosomen resistenter 786-O-Zellen in sensitive Zellen

Eine Aufnahme der Exosomen resistenter 786-O-Zellen wurde nach Fluoreszenzfärbung und Inkubation für 24 Stunden mittels Laserscanner-Imaging sichtbar gemacht.

Eine Aufnahme von Exosomen in Zellen wurde für zahlreiche Karzinomzellen nachgewiesen, darunter für Mammakarzinom- oder Bronchialkarzinomzellen [28,98]. Darüber hinaus wurde auch die Internalisierung der Exosomen von TKI-resistenten Zellen mehrmals beobachtet [140,180]. Die verwendeten Farbstoffe und Detektionszeiten variieren allerdings innerhalb verschiedener Arbeiten. Bei unzureichender Entfernung des überschüssigen Fluoreszenzfarbstoffs kann es zu einer Nanopartikel-Bildung von PKH26 kommen [136]. Diese Nanopartikel sind ebenfalls fluoreszierend, ähneln der Partikelgröße der Exosomen und können auch in Zellen aufgenommen werden. Um eine genaue Aussage über die Aufnahme von PKH26-gefärbten Exosomen in Zellen treffen zu können, sollten anschließend an die Färbung der Exosomen mehrere Reinigungsschritte vorgenommen werden. Durch eine Dichtegradientenzentrifugation können die Nanopartikel von den Exosomen getrennt werden. So werden überschüssige Farbreste und unter Umständen entstandene fluoreszierende Nanopartikel entfernt. Im hier verwendeten Färbeprotokoll wurde die überschüssige PKH26-Farbe durch Zentrifugation in einem Pierce[™] Protein Concentrator entfernt. Die Zentrifugation erfolgt hierbei durch eine semipermeable Polyethersulfon-Membran zur Aufkonzentrierung, Entsalzung und zum Pufferaustausch der Proben.

Die Bildgebung mittels Laserscanner wurde singulär und nur zu einem Zeitpunkt nach Inkubation (24 Stunden) durchgeführt. In Vorarbeiten der Arbeitsgruppe erfolgte eine Bildgebung nach mehreren Inkubationszeiträumen (1, 2, 4, 6, 12, 24 und 48 Stunden), um die zeitliche Komponente der Aufnahme der Exosomen in die Zellen genauer zu quantifizieren [13]. Nachdem in den ersten 6 Stunden die Mehrheit der Exosomen internalisiert wurden, nahm das Signal der Exosomen im Zeitraum zwischen 12 und 48 Stunden kontinuierlich ab. Anhand der Vorarbeiten mit Blasentumorzellen und Fibroblasten konnte der Aufnahmeprozess von Exosomen in die Zellen beobachtet werden. Aufgrund der verschiedenen Tumorentitäten ist das Zellverhalten jedoch nur bedingt vergleichbar, da die Aufnahmekapazitäten verschiedener Zelltypen variieren [81].

Der Messzeitpunkt wurde in dieser Arbeit nach 24 Stunden gewählt. Da viele diskutierte Effekte der Exosomen auf die Zellviabilität über posttranslationale Modifizierungen wirken, ist ein Effekt erst nach mehreren Stunden zu erwarten. Im Rahmen der funktionellen Assays erfolgte die Stimulation der Zellen mit Exosomen daher jeweils nach 24 Stunden an drei aufeinanderfolgenden Tagen. So sollten möglichst physiologische Bedingungen mit pulsatilen Exosomensezernationen simuliert werden. Die physiologischen Effekte von Exosomen auf die Zellviabilität und das Zellverhalten selbst erfolgen durch Genexpression und posttranslationale

Modifikationen. Durch die multiplen Exosomenstimulationen im Vergleich zu einer einzelnen Stimulation sollte darüber hinaus gewährleistet werden, dass diese Effekte wirken können. Ziel des Laserscanner-Imaging war es, die Aufnahme fluoreszenzmarkierter Exosomen in die 786-O-Zellen nachzuweisen. Die zeitliche Dynamik der Exosomenaufnahme war nicht Untersuchungsgegenstand dieses Experiments.

6.5 Analyse der Effekte der Exosomen auf die Zellviabilität

In den funktionellen Assays zur Überprüfung einer Resistenzübertragung durch extrazelluläre Vesikel zeichnete sich bei sensitiven 786-O-Zellen, die mit Exosomen Pazopanib-resistenter Zellen stimuliert wurden, ein Trend zu verbessertem Überleben ab.

Die Möglichkeit der Übertragung einer Therapieresistenz gegen Tyrosinkinaseinhibitoren durch extrazelluläre Vesikel wurde bereits mehrfach für verschiedene Karzinome beschrieben [28,80,98]. Die Ergebnisse dieser Arbeit stimmen diesbezüglich mit bereits publizierten Ergebnissen überein.

Verglichen mit den Ergebnissen vorheriger Publikationen weisen die Ergebnisse dieser Arbeit einige Parallelen auf. Eine Stimulation sensitiver Zellen mit Exosomen TKI-resistenter Zellen führte bei Behandlung mit Pazopanib zu einer tendenziell gesteigerten Zellviabilität im Vergleich zu unstimulierten Zellen. Diese Ergebnisse entsprechen den Effekten von Exosomen TKI-resistenter Zellen auf die Zellviabilität sensitiver Zellen bei nicht-klarzelligem Bronchialkarzinom [98]. Ein Transfer resistenter Exosomen führte zu einer signifikant gesteigerten Medikamentenresistenz bei vormals sensitiven NSCLC-Zellen. Für Zellen eines nicht-kleinzelligen Bronchialkarzinoms (NSCLC) konnte unter Behandlung mit dem Tyrosinkinaseinhibitor Gefitinib (anti-EGFR) bereits ein verbessertes Überleben nach Stimulation mit Exosomen gezeigt werden [109]. Dabei wurden sensitive NSCLC-Zellen mit Exosomen einer Gefitinib-resistenten NSCLC-Zelllinie stimuliert und anschließend bei steigenden Gefitinibkonzentrationen die Zellviabilität in Prozent gemessen. Die mit Exosomen stimulierten Zellen zeigten eine deutlich höhere Zellviabilität und auch eine signifikant höhere IC50. Eine Stimulation der sensitiven Zellen mit eigenen Exosomen hatte keinen Einfluss auf die Zellviabilität.

Dies entspricht auch den Ergebnissen dieser Arbeit: Die Stimulation mit Exosomen TKIsensitiver Zellen führte nur zu marginal verbessertem Überleben oder hatte gar keinen Effekt auf die Zellviabilität. Dieser Effekt wurde analog für den Tyrosinkinaseinhibitor Sorafenib bei 786-O dargestellt: auch hier konnte durch Stimulation mit Exosomen sensitiver Zellen bei Sorafenib-Behandlung kein Effekt auf das Überleben der Zellen beobachtet werden [71].

Umgekehrt wurde für resistente NSCLC-Zellen auch untersucht, ob durch eine Stimulation der therapieresistenten Zellen mit Exosomen Gefitinib-sensitiver Zellen eine Sensitivität für Gefitinib übertragen werden kann. Dieser Effekt konnte nicht nachgewiesen werden [109]. Eine Übertragung der Medikamenten-Sensitivität wurde in dieser Arbeit nicht untersucht, diese Hypothese sollte daher in kommenden Experimenten weiter überprüft werden.

Im experimentellen Aufbau unterscheidet sich die hier präsentierte Arbeit jedoch teilweise von denen bereits genannter Publikationen: Meist wurden die Effekte nach Stimulation mit Exosomen sensitiver und resistenter Zellen nur unter Medikamentenbehandlung untersucht. Teil dieser Arbeit war es auch, einen möglichen Einfluss der Exosomen sensitiver Zellen auf die Zellviabilität im Generellen, also ohne die Einwirkung eines Medikaments, zu untersuchen. So sollte überprüft werden, ob die Zellviabilität bereits durch Zugabe von Exosomen der eigenen Zellen beeinflusst werden kann. Hierfür zeigte sich in den ersten beiden Experimenten eher ein Trend zu verringerter Zellviabilität. Im dritten Experiment hingegen konnte durch Stimulation mit sensitiven Exosomen eine Verbesserung des Überlebens erzielt werden, die die Effekte der resistenten Exosomen sogar übertraf.

Im Gegensatz zu den Vorexperimenten wurden im dritten Experiment Exosomen verwendet, die unmittelbar vor der Stimulation isoliert wurden. Somit entfiel der Zwischenschritt der Kryokonservierung bei -80°C, der bei den Vorexperimenten aufgrund der Planung der Experimente unumgänglich war. Aufgrund dieses Unterschieds im experimentellen Ablauf sind die Ergebnisse auch nur bedingt vergleichbar. In NTA-Messungen unserer Arbeitsgruppe wurde beobachtet, dass Exosomen nach Kryokonservierung dazu neigen, Konglomerate zu bilden. Hierdurch kann der Aufnahmeprozess der Exosomen in die Zellen beeinflusst sein. Die beobachteten Unterschiede sind daher möglicherweise mit dem Vorgang der Kryokonservierung in Verbindung zu verbringen. Eine 2-monatige Kryokonservierung von Exosomen bei -80°C resultiert zwar in morphologischen Veränderungen, die biologische RNA-Aktivität der Exosomen wird allerdings nicht beeinträchtigt [174].

Im direkten Vergleich der Absorptionswerte der WST-1-Assays fielen im Rahmen der funktionellen Assays deutlich niedrigere Werte auf als bei vorherigen Experimenten. Bereits die mikroskopische Betrachtung der 786-O-Zellen vor Durchführung der WST-1-Assays zeigte eine starke Abnahme der Zelldichte. Im Vergleich zu Vorexperimenten ohne Exosomenstimulation und zwischenzeitliches Subkultivieren der Zellen war die Konfluenz der Zellen sehr niedrig. Auch die berechneten Zellviabilitätswerte lagen mit etwa 17% nach Pazopanibbehandlung deutlich unter den Werten, die in den Vorexperimenten beobachtet wurden. In den Experimenten zur Überprüfung der Resistenz gegen Pazopanib lag die Zellviabilität von 786-O^{WT} nach Behandlung mit Pazopanib noch bei circa 47%. Die Zytotoxizität von Pazopanib ist demnach in den funktionellen Assays viel stärker ausgeprägt als in den Vorexperimenten.

Dieser Effekt liegt womöglich im Versuchsablauf begründet. Die Stimulation der Zellen mit Exosomen erfolgte über 2 Tage, an Tag 4 wurden die stimulierten Zellen subkultiviert und anschließend in eine 96-Well-Platte ausgesät. Danach wurden die Zellen ein drittes Mal mit Exosomen stimuliert und erst 24 Stunden später für 72 Stunden mit Pazopanib behandelt.

Durch die zusätzliche Strapazierung der Zellen durch den Zwischenschritt des Subkultivierens können negative Folgen auf das Überleben und die Proliferation der Zellen nicht ausgeschlossen werden. Möglicherweise ist auch der Zwischenschritt des Subkultivierens für die oben beschriebene starke Verminderung des Zellüberlebens zum Zeitpunkt des WST-1-Assays verantwortlich. In zukünftigen Experimenten könnte durch den Verzicht auf das Subkultivieren der Zellen eine Beeinflussung der Zellviabilität minimiert werden.

Alle Experimente zur Analyse der Exosomeneffekte wurden innerhalb der Passagen 61 bis 68 durchgeführt. Nach Beendigung des jeweiligen Experiments wurden die verwendeten Zellen verworfen und neue Zellen aus dem Zellstock aufgetaut, um Einflüsse durch Zellalterung möglichst gering zu halten. Auch für die hier durchgeführten Experimente wurde darauf geachtet, stets gleichbleibende Zellzahlen zu verwenden.

In Zusammenschau der Ergebnisse zeigt sich ein dosisabhängiger Effekt der Exosomen auf die Zellviabilität. Die größten Veränderungen der Zellviabilität waren bei der niedrigeren Exosomenkonzentration von 8 µg/ml zu sehen. Bei der höheren Konzentration von 20 µg/ml ist der Effekt auf die Zellviabilität weniger stark ausgeprägt oder entfällt vollständig. Eine Stimulation der Zellen mit einer höheren Exosomenkonzentration kann die Zellviabilität nicht weiter steigern.

In vergleichbaren Arbeiten zur Möglichkeit der Resistenzübertragung durch extrazelluläre Vesikel wurde meist nur eine Exosomenkonzentration untersucht. Die verwendeten Konzentrationen in den genannten Publikationen schwankten hierbei zwischen 10 µg/ml [98] und 20 µg/ml [28,71]. Damit entsprachen die Konzentrationen der Größenordnung der in dieser Arbeit verwendeten Exosomenkonzentrationen. Zusätzlich erfolgte die Stimulation mit Exosomen oft als Einmalgabe in hoher Dosis [71,82,109]. Die hier durchgeführte, repetitive Exosomenstimulation entspricht im Vergleich zu der einmaligen Stimulation mit Exosomen eher dem physiologischen Zustand pulsatiler Sekretion.

In Vorarbeiten konnte bezüglich der Aufnahme von Exosomen in Zellen bereits eine Dosisabhängigkeit nachgewiesen werden [18,21,49,90]. Ein Sättigungseffekt konnte nicht zwangsläufig beobachtet werden, auch bei Dosen über 100 µg/ml [18]. Im Vergleich der Exosomenaufnahme bei verschiedenen Zelllinien jedoch zeigte sich ein für die jeweilige Zelllinie spezifischer dosisabhängiger Verlauf [21]. In der Arbeit von Busatto et al. wurde bei steigenden Exosomenkonzentrationen der prozentuale Anteil fluoreszierender Zellen untersucht. Bei hohen Exosomenkonzentrationen konnte bei einigen Zelllinien eine Abflachung der Kurve beobachtet werden. Daraus wurde geschlossen, dass bei höheren Konzentrationen die Aufnahme hauptsächlich über unspezifische Aufnahmemechanismen erfolgt. Bei anderen untersuchten Zelllinien hingegen zeigte sich ein weiterhin tendenziell

steigender Kurvenverlauf. Hieraus kann geschlussfolgert werden, dass für verschiedene Zelllinien mit individuell unterschiedlichen Exosomenkonzentrationen gearbeitet werden sollte. Im Fall der vorliegenden Arbeit kann daher die höhere Exosomenkonzentration von 20 µg/ml bereits die Dosis sein, bei der ein Sättigungseffekt eintritt. Um dies weiter zu evaluieren, sollten zusätzliche Experimente zur Dosisfindung angeschlossen werden.

Die Aussage eines in vitro durchgeführten Experiments ist immer nur bedingt auf die in vivo Situation übertragbar. Weitere Analysen der Effekte von Exosomen in vivo sind daher unerlässlich.

Im Hinblick auf das Nierenzellkarzinom wurde sowohl für 786-O- als auch für ACHN-Zellen eine Übertragung der Resistenz gegen Sorafenib beschrieben, wie bereits oben dargestellt [71]. In weiteren Analysen dieser Exosomen wurde deutlich, dass die Expressionslevel von 17 verschiedenen miRNAs in den Exosomen resistenter 786-O-Zellen im Vergleich zu sensitiven Zellen um mehr als das doppelte hochreguliert waren [71]. Insbesondere für miR-31-5p wurden bezüglich einer Sorafenib-Resistenz bei 786-O die höchsten Expressionslevel nachgewiesen.

Die Rolle der miRNAs im Nierenzellkarzinom wird derzeit ausgiebig erforscht. Hierbei konnten bereits zahlreiche miRNAs identifiziert werden, die mit der Prognose assoziiert sind [61,129,138,147]. Für metastasierte Nierenzellkarzinome konnte eine herabgesetzte Expression verschiedener miRNA gezeigt werden, dazu zählen beispielsweise miR-10a, miR-10b, miR-29a, miR-221 und miR-451 [72]. Eine Hochregulation von miRNA-23a-3p oder miRNA-486 wurde mit einem reduzierten Gesamtüberleben bei Patienten mit klarzelligem Nierenzellkarzinom assoziiert [72]. Da verstärkte Expressionslevel einiger miRNAs mit einer schlechteren Prognose verknüpft sind, können individuell bestimmte Expressionslevel ebenjener miRNAs möglicherweise auch als prognostische Marker relevant werden [61,73,141]. In derzeitiger Ermangelung eines spezifischen Tumormarkers für das Nierenzellkarzinom wäre dies von großer Bedeutung.

Das genaue Verständnis der molekularen Mechanismen einer Übertragung der Therapieresistenz gegen Tyrosinkinaseinhibitoren ist für die Überwindung einer Resistenz unerlässlich. In dieser Arbeit wurde die Möglichkeit der Resistenzübertragung durch exosomale Kommunikation der Tumorzellen untereinander untersucht, die dabei ablaufenden molekularen Prozesse müssen allerdings weiterhin eingehend erforscht werden.

7. Schlussfolgerungen und Ausblick

Die vorliegende Arbeit bestätigt eine Beteiligung von Exosomen an der Vermittlung einer Therapieresistenz bei Nierenzellkarzinomzellen. Es konnte nachgewiesen werden, dass durch Langzeitbehandlung mit Pazopanib eine Resistenz in vormals sensitiven Zellen induziert werden kann und die sezernierten Exosomen in sensitive Zellen aufgenommen werden. Zusätzlich zeigen die Analysen, dass neben Exosomen resistenter Zellen auch die Exosomen sensitiver Zellen das Überleben sensitiver Zellen beeinflussen. Jedoch sind die beobachteten Unterschiede nicht statistisch signifikant und können daher lediglich als Trend beurteilt werden.

Um die vorliegenden Ergebnisse dieser Arbeit zu validieren, sind daher weitere Experimente notwendig. Durch eine Umstrukturierung des Versuchsablaufs können mögliche Fehlerquellen minimiert und die Aussagekraft der Ergebnisse verbessert werden. Eine Optimierung der Methode zur Exosomenisolation würde es z.B. erlauben, auf den Zwischenschritt der Kryokonservierung zu verzichten und so mögliche Veränderungen der Exosomenstruktur und -funktion auszuschließen.

Im weiteren Verlauf sollte die Expression von IncRNA und das miRNA-Profil in 786-O^{WT}- und 786-O^{PR}-Zellen untersucht und verglichen werden, um zusätzlich zum Verständnis molekularer Mechanismen der Resistenzentwicklung möglicherweise auch einen Ansatz zur Überwindung der Therapieresistenz zu etablieren.

Eine genauere Charakterisierung der Exosomen resistenter Tumorzellen kann ebenfalls dazu dienen, prädiktive Marker des Nierenzellkarzinoms zu finden, mithilfe derer möglicherweise auch das Therapieansprechen überwacht werden kann. Aufgrund des einfachen und wenig invasiven Zugangs zu Untersuchungsmaterial wären Exosomen aus dem Blut als prädiktive Marker hervorragend geeignet. Dadurch wäre eine individuelle Therapieanpassung möglich.

Durch die Überwindung oder sogar Prävention einer Resistenzentwicklung unter Therapie könnte das Überleben von Patienten mit metastasiertem Nierenzellkarzinom weiter verbessert werden. Wenn eine zielgerichtete systemische Therapie weiterhin wirksam bleibt, kann so womöglich der Metastasierungsprozess verlangsamt oder die weitere Metastasierung sogar gestoppt werden.

8. Abbildungsverzeichnis

Abbildung 1: Altersstandardisierte Neuerkrankungs- und Sterberaten nach Geschlecht, ICD-10 C64,
Deutschland 1999 – 2018/2019, Prognose (Inzidenz) bis 2022, modifiziert [53]8
Abbildung 2: Relatives 5-Jahres-Überleben nach UICC-Stadium und Geschlecht modifiziert nach [53]
Abbildung 3: Hypoxia-inducible Factor (HIF)-regulierte Prozesse modifiziert nach [91]
Abbildung 4: Überexpression von VEGF und PDGF durch Akkumulation von HIF modifiziert nach
[75]20
Abbildung 5: VHL-Inaktivierung beim klarzelligen Nierenzellkarzinom und Bedeutung für systemische
Therapie modifiziert nach [83]21
Abbildung 6: Signaltransduktion von Tyrosinkinase-regulierten Prozessen modifiziert nach [58]22
Abbildung 7: Angriffspunkte der systemischen Therapie modifiziert nach [30]
Abbildung 8: Anti-angiogenetische Medikamente und ihre Zielstrukturen modifiziert nach [9]
Abbildung 9: Rolle von c-KIT in der Signaltransduktion und Hemmung durch TKIs modifiziert nach [1]
Abbildung 10: Synthese und Sekretion von Exosomen modifiziert nach [137]
Abbildung 11: Aufbau und Zusammensetzung von Exosomen modifiziert nach [108]
Abbildung 12: Aufnahme von Exosomen in die Empfängerzelle modifiziert nach [166]
Abbildung 13: Übertragung der Sunitinib-Resistenz durch exosomalen Transport von IncARSR
modifiziert nach [140]33
Abbildung 14: Belegung der 96-Well-Platte (Etablierung der LC50)
Abbildung 15: Belegung der 12-Well-Platte
Abbildung 16: Stimulation der 12-Well-Platte mit Exosomen
Abbildung 17: Belegung der 96-Well-Platte (Funktionelle Assays)
Abbildung 18: Belegung der Kammerobjektträger
Abbildung 19: Konfluenz von 786-OWT am Tag der Abnahme des Exosomen-depletierten Mediums
(beispielhaft)60
Abbildung 20: Konfluenz von 786-OPR am Tag der Abnahme des Exosomen-depletierten Mediums
(beispielhaft)61
Abbildung 21: % Zellviabilität der Zelllinien 786-OWT (blau) und 786-OPR (rot) in Prozent (y-Achse)
nach 72-stündiger Behandlung mit Pazopanib unter verschiedenen Konzentrationen (x-Achse)
(Experiment 1) Mittelwerte aus 2 unabhängigen biologischen Replikaten, je 3 techn. Replikate
pro Zelllinie Kontrolle (CTR) enthielt DMSO [7%]63
Abbildung 22: % Zellviabilität der Zelllinien 786-OWT (blau) und 786-OPR (rot) in Prozent (y-Achse)
nach 72-stündiger Behandlung mit Pazopanib unter verschiedenen Konzentrationen (x-Achse)
(Experiment 2) Mittelwerte aus 2 unabhängigen biologischen Replikaten, je 3 techn. Replikate
pro Zelllinie Kontrolle (CTR) enthielt DMSO [7%]64
Abbildung 23: % Zellviabilität der Zelllinien 786-OWT (blau) und 786-OPR (rot) in Prozent (y-Achse)
nach 72-stündiger Behandlung mit Pazopanib unter verschiedenen Konzentrationen (x-Achse)
(Experiment 3) Mittelwerte aus 2 unabhängigen biologischen Replikaten, je 3 techn. Replikate
pro Zelllinie Kontrolle (CTR) enthielt DMSO [7%].

Abbildung 24: Konzentration Pazopanib [µM] (y-Achse) mit korrespondierender Zellviabilität [%] (x	-
Achse) von 786- O^{WT} (2 biologische Replikate, WT 1 und 2) und zugehörige polynomische	
Trendlinie (Poly. (WT 1 und 2)) Polynomische Trendlinien generiert durch Microsoft® Excel®,	
Mittelwerte aus je 3 techn. Replikaten pro Zelllinie	.66

- **Abbildung 41:** Zellviabilität [%] (y-Achse) von 786-O^{WT}-Zellen nach Stimulation mit PBS (grün)/Exosomen von 786-O^{WT} (blau) bzw. 786-O^{PR} (rot) in den Konzentrationen 8 μg/ml und 20 μg/ml (x-Achse), anschließend Kultivierung mit DMSO-haltigem Zellkulturmedium (Kontrollgruppe, monochrome Säulen) oder Behandlung mit Pazopanib [14 μM] (schraffierte Säulen) für 72 Stunden Mittelwerte ±SD berechnet aus den Ergebnissen eines unabhängigen

Experiments (n = 1) Berechnung der p-Werte erfolgte durch One-Way-ANOVA unter Verwendung des Tukey post-hoc-Tests * p < 0,05, ** p < 0,01, *** p < 0,00180

9. Tabellenverzeichnis

Tabelle 1: WHO-Klassifikation der Nierentumoren modifiziert nach [122]	10
Tabelle 2: TNM-Klassifikation des Nierenzellkarzinoms 2017 nach [10]	11
Tabelle 3: Stadieneinteilung nach Union for International Cancer Control (UICC) 2017 (8.Version)	
nach [10]	12
Tabelle 4: Grading nach International Society of Uropathology (ISUP) modifiziert nach [123]	13
Tabelle 5: Mögliche Symptome eines paraneoplastischen Syndroms beim Nierenzellkarzinom	
modifiziert nach [132]	13
Tabelle 6: Postoperative Nomogramme zur Risikobeurteilung bei Patienten mit Nierenzellkarzinor	n
modifiziert nach [104]	15
Tabelle 7: Therapieempfehlung bei Nierenzellkarzinom entsprechend des Tumorstadiums modifiz	ziert
nach [104]	16
Tabelle 8: Zugelassene Medikamentenklassen für die Therapie des Nierenzellkarzinoms (Übersic	ht)
	18
Tabelle 9: Evaluation des individuellen Risikoprofils anhand der Motzer-Kriterien (MSKCC-Score)	
modifiziert nach [77,104,124]	23
Tabelle 10: Systemtherapieoptionen gemäß Risikoprofil in der Erstlinientherapie des	
Nierenzellkarzinoms modifiziert nach [103]	24
Tabelle 11: Systemtherapieoptionen gemäß Vortherapie in der Zweitlinientherapie des	
Nierenzellkarzinoms modifiziert nach [104]	24
Tabelle 12: Verwendete Volumina je nach Wachstumsfläche	42
Tabelle 13: Verwendete Volumina für Medium/Pazopanib Stock 1 je nach Wachstumsfläche	43
Tabelle 14: Verwendete Pazopanib-Konzentrationen und deren Zusammensetzung	45
Tabelle 15: Verwendete Antikörper	53
Tabelle 16: Stimulation mit Exosomen	58
Tabelle 17: Fixierung der Zellen und Phalloidin-Färbung	58
Tabelle 18: Einstellungen und Farblegende	59
Tabelle 19: Verwendete Zellzahlen für sämtliche Methoden/Experimente	60
Tabelle 20: Annäherungsgleichung und Bestimmtheitsmaß für polynomische Trendlinien (Experim	nent
1)	66
Tabelle 21: Annäherungsgleichung und Bestimmtheitsmaß für polynomische Trendlinien (Experim	nent
3)	68
Tabelle 22: Berechnete IC50 [µM] von 786-OWT und 786-OPR (Experiment 1 und 3)	69
Tabelle 23: Annäherungsgleichung und Bestimmtheitsmaß für polynomische Trendlinien (Kombin	ierte
Ergebnisse aus Experimenten 1-3, Polynomische Trendlinien generiert durch Microsoft® Exc	el®)
	70
Tabelle 24: Messergebnisse der NTA, Exosomen von 786-O ^{WT} und 786-O ^{PR} Ergebnisse einer	
einzelnen Messung (n = 1)	73
Tabelle 25: Gemessene Partikel/ml, Exosomen von 786-OWT und 786-OPR Ergebnisse einer einze	Inen
Messung (n = 1)	74
Tabelle 26: Partikel/Zelle von 786-O ^{WT} und 786-O ^{PR}	74

10. Literaturverzeichnis

 Abbaspour Babaei M, Kamalidehghan B, Saleem M, Huri HZ, Ahmadipour F (2016) Receptor tyrosine kinase (c-Kit) inhibitors: a potential therapeutic target in cancer cells. Drug Des Devel Ther 10:2443–2459

 Abels ER, Breakefield XO (2016) Introduction to Extracellular Vesicles: Biogenesis, RNA Cargo Selection, Content, Release, and Uptake. Cellular and Molecular Neurobiology 36:301–312

3. Akers JC, Gonda D, Kim R, Carter BS, Chen CC (2013) Biogenesis of extracellular vesicles (EV): exosomes, microvesicles, retrovirus-like vesicles, and apoptotic bodies. Journal of Neuro-Oncology 113:1–11

4. ALANEE S, CLEMONS J, ZAHND W, SADOWSKI D, DYNDA D (2015) Trichloroethylene Is Associated with Kidney Cancer Mortality: A Population-based Analysis. Anticancer Res 35:4009

5. Amato RJ (2000) Chemotherapy for renal cell carcinoma. Semin Oncol 27:177–186

6. Andrae J, Gallini R, Betsholtz C (2008) Role of platelet-derived growth factors in physiology and medicine. Genes Dev 22:1276–1312

7. Asati V, Mahapatra DK, Bharti SK (2016) PI3K/Akt/mTOR and Ras/Raf/MEK/ERK signaling pathways inhibitors as anticancer agents: Structural and pharmacological perspectives. European Journal of Medicinal Chemistry 109:314–341

 Asimakopoulos AD, Miano R, Annino F, Micali S, Spera E, Iorio B, Vespasiani G, Gaston R (2014) Robotic radical nephrectomy for renal cell carcinoma: a systematic review.
 BMC Urol 14:75–75

9. Azam F, Mehta S, Harris AL (2010) Mechanisms of resistance to antiangiogenesis therapy. European Journal of Cancer 46:1323–1332

 B. Ljungberg, L. Albiges, J. Bedke, A. Bex, U. Capitanio, R.H. Giles, M. Hora, T. Klatte,
 T. Lam, L. Marconi, T. Powles, A. Volpe (2018) Guidelines on renal cell carcinoma. European
 Association of Urology (EAU): Arnhem, The NetherlandsURL: https://uroweb.org/guideline/renal-cell-carcinoma/#1

11. Bach D-H, Hong J-Y, Park HJ, Lee SK (2017) The role of exosomes and miRNAs in drug-resistance of cancer cells. Int J Cancer 141:220–230

12. Banks RE, Tirukonda P, Taylor C, Hornigold N, Astuti D, Cohen D, Maher ER, Stanley AJ, Harnden P, Joyce A, Knowles M, Selby PJ (2006) Genetic and Epigenetic Analysis of von Hippel-Lindau (VHL) Gene Alterations and Relationship with Clinical Variables in Sporadic Renal Cancer. Cancer Research 66:2000–2011

13. Baumgart SC (2017) Die Bedeutung exosomaler RNAs für das muskelinvasive Harnblasenkarzinom.

14. Bellingham SA, Coleman BM, Hill AF (2012) Small RNA deep sequencing reveals a distinct miRNA signature released in exosomes from prion-infected neuronal cells. Nucleic Acids Res 40:10937–10949

15. Bergers G, Song S, Meyer-Morse N, Bergsland E, Hanahan D (2003) Benefits of targeting both pericytes and endothelial cells in the tumor vasculature with kinase inhibitors. J Clin Invest 111:1287–1295

16. Bergers G, Hanahan D (2008) Modes of resistance to anti-angiogenic therapy. Nat Rev Cancer 8:592–603

17. Bergström A, Hsieh CC, Lindblad P, Lu CM, Cook NR, Wolk A (2001) Obesity and renal cell cancer--a quantitative review. Br J Cancer 85:984–990

18. Bonsergent E, Grisard E, Buchrieser J, Schwartz O, Théry C, Lavieu G (2021) Quantitative characterization of extracellular vesicle uptake and content delivery within mammalian cells. Nat Commun 12:1864

19. Bridges EM, Harris AL (2011) The angiogenic process as a therapeutic target in cancer. Biochemical Pharmacology 81:1183–1191

20. Buczek M, Escudier B, Bartnik E, Szczylik C, Czarnecka A (2014) Resistance to tyrosine kinase inhibitors in clear cell renal cell carcinoma: From the patient's bed to molecular mechanisms. Biochimica et Biophysica Acta (BBA) - Reviews on Cancer 1845:31–41

21. Busatto S, Giacomini A, Montis C, Ronca R, Bergese P (2018) Uptake Profiles of Human Serum Exosomes by Murine and Human Tumor Cells through Combined Use of Colloidal Nanoplasmonics and Flow Cytofluorimetric Analysis. Anal Chem 90:7855–7861

22. Buti S, Bersanelli M, Sikokis A, Maines F, Facchinetti F, Bria E, Ardizzoni A, Tortora G, Massari F (2013) Chemotherapy in metastatic renal cell carcinoma today? A systematic review. Anti-Cancer Drugs 24:

23. Butte MJ, Keir ME, Phamduy TB, Sharpe AH, Freeman GJ (2007) Programmed death-1 ligand 1 interacts specifically with the B7-1 costimulatory molecule to inhibit T cell responses. Immunity 27:111–122

24. Caldwell MC, Hough C, Fürer S, Linehan WM, Morin PJ, Gorospe M (2002) Serial analysis of gene expression in renal carcinoma cells reveals VHL-dependent sensitivity to TNFα cytotoxicity. Oncogene 21:929–936

25. Casanovas O, Hicklin DJ, Bergers G, Hanahan D (2005) Drug resistance by evasion of antiangiogenic targeting of VEGF signaling in late-stage pancreatic islet tumors. Cancer Cell 8:299–309

26. Chellappan DK, Chellian J, Ng ZY, Sim YJ, Theng CW, Ling J, Wong M, Foo JH, Yang GJ, Hang LY, Nathan S, Singh Y, Gupta G (2017) The role of pazopanib on tumour angiogenesis and in the management of cancers: A review. Biomedicine & Pharmacotherapy 96:768–781

27. Chen G, Huang AC, Zhang W, Zhang G, Wu M, Xu W, Yu Z, Yang J, Wang B, Sun H, Xia H, Man Q, Zhong W, Antelo LF, Wu B, Xiong X, Liu X, Guan L, Li T, Liu S, Yang R, Lu Y, Dong L, McGettigan S, Somasundaram R, Radhakrishnan R, Mills G, Lu Y, Kim J, Chen YH, Dong H, Zhao Y, Karakousis GC, Mitchell TC, Schuchter LM, Herlyn M, Wherry EJ, Xu X, Guo W (2018) Exosomal PD-L1 contributes to immunosuppression and is associated with anti-PD-1 response. Nature 560:382–386

28. Chen W, Liu X, Lv M, Chen L, Zhao J, Zhong S, Ji M, Hu Q, Luo Z, Wu J, Tang J (2014) Exosomes from drug-resistant breast cancer cells transmit chemoresistance by a horizontal transfer of microRNAs. PLoS One 9:e95240

29. Choi J, Chen J, Schreiber SL, Clardy J (1996) Structure of the FKBP12-Rapamycin Complex Interacting with Binding Domain of Human FRAP. Science 273:239–242

30. Choueiri TK, Motzer RJ (2017) Systemic Therapy for Metastatic Renal-Cell Carcinoma. N Engl J Med 376:354–366

31. Christensson A, Savage C, Sjoberg DD, Cronin AM, O'Brien MF, Lowrance W, Nilsson PM, Vickers AJ, Russo P, Lilja H (2013) Association of cancer with moderately impaired renal function at baseline in a large, representative, population-based cohort followed for up to 30 years. Int J Cancer 133:1452–1458

32. Cindolo L, de la Taille A, Messina G, Romis L, Abbou CC, Altieri V, Rodriguez A, Patard
 JJ (2003) A preoperative clinical prognostic model for non-metastatic renal cell carcinoma.
 BJU Int 92:901–905

33. Clevert D-A, Sterzik A, Braunagel M, Notohamiprodjo M, Graser A (2013) Moderne Bildgebung von Nierentumoren. Der Urologe 52:515–526

34. Conner SD, Schmid SL (2003) Regulated portals of entry into the cell. Nature 422:37–
44

35. Corrado C, Raimondo S, Chiesi A, Ciccia F, De Leo G, Alessandro R (2013) Exosomes as intercellular signaling organelles involved in health and disease: basic science and clinical applications. Int J Mol Sci 14:5338–5366

36. Coulson E, Zhou S, Akin C (2019) The Role of KIT Mutations in Anaphylaxis. Current Allergy and Asthma Reports 19:31

37. Cumberbatch MG, Rota M, Catto JWF, La Vecchia C (2016) The Role of Tobacco Smoke in Bladder and Kidney Carcinogenesis: A Comparison of Exposures and Meta-analysis of Incidence and Mortality Risks. European Urology 70:458–466

38. Dabestani S, Marconi L, Hofmann F, Stewart F, Lam TBL, Canfield SE, Staehler M, Powles T, Ljungberg B, Bex A (2014) Local treatments for metastases of renal cell carcinoma: a systematic review. Lancet Oncol 15:e549-561

39. Dabestani S, Marconi L, Bex A (2016) Metastasis therapies for renal cancer. Curr Opin Urol 26:566–572

40. Doherty GJ, McMahon HT (2009) Mechanisms of Endocytosis. Annu Rev Biochem 78:857–902

41. Doyle L, Wang M (2019) Overview of Extracellular Vesicles, Their Origin, Composition, Purpose, and Methods for Exosome Isolation and Analysis. Cells 8:727

42. Eitan E, Zhang S, Witwer KW, Mattson MP (2015) Extracellular vesicle–depleted fetal bovine and human sera have reduced capacity to support cell growth. null 4:26373

43. Feng D, Zhao W-L, Ye Y-Y, Bai X-C, Liu R-Q, Chang L-F, Zhou Q, Sui S-F (2010) Cellular Internalization of Exosomes Occurs Through Phagocytosis. Traffic 11:675–687

44. Ferguson SW, Nguyen J (2016) Exosomes as therapeutics: The implications of molecular composition and exosomal heterogeneity. Journal of Controlled Release 228:179–190

45. Filipe V, Hawe A, Jiskoot W (2010) Critical Evaluation of Nanoparticle Tracking Analysis (NTA) by NanoSight for the Measurement of Nanoparticles and Protein Aggregates. Pharmaceutical Research 27:796–810

46. Flaherty KT, Fuchs CS, Colditz GA, Stampfer MJ, Speizer FE, Willett WC, Curhan GC (2005) A Prospective Study of Body Mass Index, Hypertension, and Smoking and the Risk of Renal Cell Carcinoma (United States). Cancer Causes & Control 16:1099–1106

47. Fong JT, Jacobs RJ, Moravec DN, Uppada SB, Botting GM, Nlend M, Puri N (2013) Alternative signaling pathways as potential therapeutic targets for overcoming EGFR and c-Met inhibitor resistance in non-small cell lung cancer. PLoS One 8:e78398

48. Francisco LM, Salinas VH, Brown KE, Vanguri VK, Freeman GJ, Kuchroo VK, Sharpe AH (2009) PD-L1 regulates the development, maintenance, and function of induced regulatory T cells. J Exp Med 206:3015–3029

49. Franzen CA, Simms PE, Van Huis AF, Foreman KE, Kuo PC, Gupta GN (2014) Characterization of Uptake and Internalization of Exosomes by Bladder Cancer Cells. BioMed Research International 2014:1–11

50. Freddie Bray BSc, MSc, PhD, Jacques Ferlay ME, Isabelle Soerjomataram MD, MSc, PhD, Rebecca L. Siegel MPH, Lindsey A. Torre MSPH, Ahmedin Jemal PhD, DVM (2018) Global cancer statistics 2018: GLOBOCAN estimates of incidence and mortality worldwide for 36 cancers in 185 countries. CA: a cancer journal for clinicians 68:394–424

51. Fyfe G, Fisher RI, Rosenberg SA, Sznol M, Parkinson DR, Louie AC (1995) Results of treatment of 255 patients with metastatic renal cell carcinoma who received high-dose recombinant interleukin-2 therapy. JCO 13:688–696

52. Gagliano T, Gentilin E, Tagliati F, Benfini K, Di Pasquale C, Feo C, Falletta S, Riva E, degli Uberti E, Zatelli MC (2015) Inhibition of epithelial growth factor receptor can play an important role in reducing cell growth and survival in adrenocortical tumors. Biochemical Pharmacology 98:639–648

53. Gesellschaft der epidemiologischen Krebsregister, Zentrum für Krebsregisterdaten (2021) Krebs in Deutschland für 2017/2018. Robert-Koch-Institut, Berlin

54. Gibney GT, Aziz SA, Camp RL, Conrad P, Schwartz BE, Chen CR, Kelly WK, Kluger HM (2013) c-Met is a prognostic marker and potential therapeutic target in clear cell renal cell carcinoma. Ann Oncol 24:343–349

55. Glebov OO, Bright NA, Nichols BJ (2006) Flotillin-1 defines a clathrin-independent endocytic pathway in mammalian cells. Nature Cell Biology 8:46–54

56. Gnarra JR, Tory K, Weng Y, Schmidt L, Wei MH, Li H, Latif F, Liu S, Chen F, Duh F-M, Lubensky I, Duan DR, Florence C, Pozzatti R, Walther MM, Bander NH, Grossman HB, Brauch H, Pomer S, Brooks JD, Isaacs WB, Lerman MI, Zbar B, Linehan WM (1994) Mutations of the VHL tumour suppressor gene in renal carcinoma. Nature Genetics 7:85–90

57. Go AS, Chertow GM, Fan D, McCulloch CE, Hsu C (2004) Chronic Kidney Disease and the Risks of Death, Cardiovascular Events, and Hospitalization. N Engl J Med 351:1296–1305

58. Gotink KJ, Verheul HMW (2010) Anti-angiogenic tyrosine kinase inhibitors: what is their mechanism of action? Angiogenesis 13:1–14

59. Gotink KJ, Broxterman HJ, Labots M, de Haas RR, Dekker H, Honeywell RJ, Rudek MA, Beerepoot LV, Musters RJ, Jansen G, Griffioen AW, Assaraf YG, Pili R, Peters GJ, Verheul HMW (2011) Lysosomal sequestration of sunitinib: a novel mechanism of drug resistance. Clin Cancer Res 17:7337–7346

60. Gotink KJ, Rovithi M, de Haas RR, Honeywell RJ, Dekker H, Poel D, Azijli K, Peters GJ, Broxterman HJ, Verheul HMW (2015) Cross-resistance to clinically used tyrosine kinase inhibitors sunitinib, sorafenib and pazopanib. Cell Oncol (Dordr) 38:119–129

61. Goto K, Oue N, Shinmei S, Sentani K, Sakamoto N, Naito Y, Hayashi T, Teishima J, Matsubara A, Yasui W (2013) Expression of miR-486 is a potential prognostic factor after nephrectomy in advanced renal cell carcinoma. Mol Clin Oncol 1:235–240

62. Gray RE, Harris GT (2019) Renal Cell Carcinoma: Diagnosis and Management. Am Fam Physician 99:179–184

63. Gudbergsson JM, Johnsen KB, Skov MN, Duroux M (2016) Systematic review of factors influencing extracellular vesicle yield from cell cultures. Cytotechnology 68:579–592

64. Guescini M, Genedani S, Stocchi V, Agnati LF (2009) Astrocytes and Glioblastoma cells release exosomes carrying mtDNA. Journal of Neural Transmission 117:1

65. Gustafsson A, Martuszewska D, Johansson M, Ekman C, Hafizi S, Ljungberg B, Dahlbäck B (2009) Differential Expression of Axl and Gas6 in Renal Cell Carcinoma Reflecting Tumor Advancement and Survival. Clinical Cancer Research 15:4742–4749

66. Haliloglu AH, Gulpinar O, Ozden E, Beduk Y (2011) Urinary ultrasonography in screening incidental renal cell carcinoma: is it obligatory? International Urology and Nephrology 43:687–690

67. Hall A, Nobes CD (2000) Rho GTPases: molecular switches that control the organization and dynamics of the actin cytoskeleton. Philos Trans R Soc Lond B Biol Sci 355:965–970

68. Hallscheidt P (2019) Bildgebung bei Nierenzellkarzinom. Der Onkologe 25:489–496

69. Hay N, Sonenberg N (2004) Upstream and downstream of mTOR. Genes Dev 18:1926–1945

70. Hayes O, Ramos B, Rodríguez LL, Aguilar A, Badía T, Castro FO (2005) Cell confluency is as efficient as serum starvation for inducing arrest in the G0/G1 phase of the cell cycle in granulosa and fibroblast cells of cattle. Animal Reproduction Science 87:181–192

71. He J, He J, Min L, He Y, Guan H, Wang J, Peng X (2020) Extracellular vesicles transmitted miR-31-5p promotes sorafenib resistance by targeting MLH1 in renal cell carcinoma. International Journal of Cancer 146:1052–1063

72. Heinzelmann J, Henning B, Sanjmyatav J, Posorski N, Steiner T, Wunderlich H, Gajda MR, Junker K (2011) Specific miRNA signatures are associated with metastasis and poor prognosis in clear cell renal cell carcinoma. World Journal of Urology 29:367–373

73. Heinzelmann J, Arndt M, Pleyers R, Fehlmann T, Hoelters S, Zeuschner P, Vogt A, Pryalukhin A, Schaeffeler E, Bohle RM, Gajda M, Janssen M, Stoeckle M, Junker K (2019) 4miRNA Score Predicts the Individual Metastatic Risk of Renal Cell Carcinoma Patients. Annals of Surgical Oncology 26:3765–3773

74. Heldin C-H, Westermark B (1999) Mechanism of Action and In Vivo Role of Platelet-Derived Growth Factor. Physiological Reviews 79:1283–1316

75. Heldwein FL, Escudier B, Smyth G, Souto CAV, Vallancien G (2009) Metastatic renal cell carcinoma management. Int Braz J Urol 35:256–270

76. Hemal A.K., Kumar A., Kumar R., Wadhwa P., Seth A., Gupta N.P. (2007) Laparoscopic Versus Open Radical Nephrectomy for Large Renal Tumors: A Long-Term Prospective Comparison. Journal of Urology 177:862–866

77. Heng DYC, Xie W, Regan MM, Harshman LC, Bjarnason GA, Vaishampayan UN, Mackenzie M, Wood L, Donskov F, Tan M-H, Rha S-Y, Agarwal N, Kollmannsberger C, Rini BI, Choueiri TK (2013) External validation and comparison with other models of the International Metastatic Renal-Cell Carcinoma Database Consortium prognostic model: a population-based study. Lancet Oncol 14:141–148

78. Hicklin DJ, Ellis LM (2005) Role of the Vascular Endothelial Growth Factor Pathway in Tumor Growth and Angiogenesis. JCO 23:1011–1027

79. Himbert D, Zeuschner P, Ayoubian H, Heinzelmann J, Stöckle M, Junker K (2020) Characterization of CD147, CA9, and CD70 as Tumor-Specific Markers on Extracellular Vesicles in Clear Cell Renal Cell Carcinoma. Diagnostics (Basel) 10:1034

80. Hisakane K, Seike M, Sugano T, Yoshikawa A, Matsuda K, Takano N, Takahashi S, Noro R, Gemma A (2021) Exosome-derived miR-210 involved in resistance to osimertinib and epithelial-mesenchymal transition in EGFR mutant non-small cell lung cancer cells. Thorac Cancer 12:1690–1698

81. Horibe S, Tanahashi T, Kawauchi S, Murakami Y, Rikitake Y (2018) Mechanism of recipient cell-dependent differences in exosome uptake. BMC Cancer 18:47

82. Hrdinova T, Toman O, Dresler J, Klimentova J, Salovska B, Pajer P, Bartos O, Polivkova V, Linhartova J, Machova Polakova K, Kabickova H, Brodska B, Krijt M, Zivny J, Vyoral D, Petrak J (2021) Exosomes released by imatinib-resistant K562 cells contain specific membrane markers, IFITM3, CD146 and CD36 and increase the survival of imatinib-sensitive cells in the presence of imatinib. Int J Oncol 58:238–250

83. Hsieh JJ, Purdue MP, Signoretti S, Swanton C, Albiges L, Schmidinger M, Heng DY, Larkin J, Ficarra V (2017) Renal cell carcinoma. Nat Rev Dis Primers 3:17009–17009

Huang WC, Levey AS, Serio AM, Snyder M, Vickers AJ, Raj GV, Scardino PT, Russo
 P (2006) Chronic kidney disease after nephrectomy in patients with renal cortical tumours: a retrospective cohort study. Lancet Oncol 7:735–740

85. Hudson CC, Liu M, Chiang GG, Otterness DM, Loomis DC, Kaper F, Giaccia AJ, Abraham RT (2002) Regulation of hypoxia-inducible factor 1alpha expression and function by the mammalian target of rapamycin. Mol Cell Biol 22:7004–7014

86. Jamis-Dow CA, Choyke PL, Jennings SB, Linehan WM, Thakore KN, Walther MM (1996) Small (< or = 3-cm) renal masses: detection with CT versus US and pathologic correlation. Radiology 198:785–788

87. Jay D Hunt, Olga L van der Hel, Garnett P McMillan, Paolo Boffetta, Paul Brennan (2005) Renal cell carcinoma in relation to cigarette smoking : meta-analysis of 24 studies. Int J Cancer 101–108

88. Jayson M, Sanders H (1998) Increased incidence of serendipitously discovered renal cell carcinoma. Urology 51:203–205

89. Junker K, Heinzelmann J, Beckham C, Ochiya T, Jenster G (2016) Extracellular Vesicles and Their Role in Urologic Malignancies. European Urology 70:323–331

90. Jurgielewicz BJ, Yao Y, Stice SL (2020) Kinetics and Specificity of HEK293T Extracellular Vesicle Uptake using Imaging Flow Cytometry. Nanoscale Research Letters 15:170

91. Kaelin WG (2007) von Hippel-Lindau Disease. Annu Rev Pathol Mech Dis 2:145–173

92. Kalluri R, LeBleu VS (2020) The biology, function, and biomedical applications of exosomes. Science 367:eaau6977

93. Keir ME, Butte MJ, Freeman GJ, Sharpe AH (2008) PD-1 and Its Ligands in Tolerance and Immunity. Annu Rev Immunol 26:677–704

94. Kirchhausen T (2000) Clathrin. Annu Rev Biochem 69:699–727

95. Kirchner GI, Meier-Wiedenbach I, Manns MP (2004) Clinical Pharmacokinetics of Everolimus. Clinical Pharmacokinetics 43:83–95

96. Komi DEA, Rambasek T, Wöhrl S (2018) Mastocytosis: from a Molecular Point of View. Clin Rev Allergy Immunol 54:397–411

97. Kwok G, Yau TCC, Chiu JW, Tse E, Kwong Y-L (2016) Pembrolizumab (Keytruda). Hum Vaccin Immunother 12:2777–2789

98. Kwok H-H, Ning Z, Chong PW-C, Wan TS-K, Ng MH-L, Ho GYF, Ip MS-M, Lam DC-L (2019) Transfer of Extracellular Vesicle-Associated-RNAs Induces Drug Resistance in ALK-Translocated Lung Adenocarcinoma. Cancers (Basel) 11:E104

99. Laplante M, Sabatini DM (2012) mTOR signaling in growth control and disease. Cell 149:274–293

100. Lauby-Secretan B, Scoccianti C, Loomis D, Grosse Y, Bianchini F, Straif K, International Agency for Research on Cancer Handbook Working Group (2016) Body Fatness and Cancer--Viewpoint of the IARC Working Group. N Engl J Med 375:794–798

101. Leach DR, Krummel MF, Allison JP (1996) Enhancement of antitumor immunity by CTLA-4 blockade. Science 271:1734–1736

102. Lee CT, Katz J, Fearn PA, Russo P (2002) Mode of presentation of renal cell carcinoma provides prognostic information. Urologic Oncology: Seminars and Original Investigations 7:135–140

103. Leitlinienprogramm Onkologie (Deutsche Krebsgesellschaft, Deutsche Krebshilfe, AWMF) (2023) S3-Leitlinie Diagnostik, Therapie und Nachsorge des Nierenzellkarzinoms.

URL: https://register.awmf.org/assets/guidelines/043-017OLI_S3_Diagnostik-Therapie-Nachsorge-Nierenzellkarzinom_2023-02.pdf

104. Leitlinienprogramm Onkologie (Deutsche Krebsgesellschaft, Deutsche Krebshilfe, AWMF) Diagnostik, Therapie und Nachsorge des Nierenzellkarzinoms, Langversion 3.0, 2021. URL: https://www.leitlinienprogramm-onko- logie.de/leitlinien/nierenzellkarzinom/

105. Li B, Chan HL, Chen P (2019) Immune Checkpoint Inhibitors: Basics and Challenges. CMC 26:3009–3025

106. Linger RMA, Keating AK, Earp HS, Graham DK (2008) TAM receptor tyrosine kinases: biologic functions, signaling, and potential therapeutic targeting in human cancer. Adv Cancer Res 100:35–83
107. Linger RMA, Keating AK, Earp HS, Graham DK (2010) Taking aim at Mer and Axl receptor tyrosine kinases as novel therapeutic targets in solid tumors. Expert Opin Ther Targets 14:1073–1090

108. Liu J, Ren L, Li S, Li W, Zheng X, Yang Y, Fu W, Yi J, Wang J, Du G (2021) The biology, function, and applications of exosomes in cancer. Acta Pharmaceutica Sinica B 11:2783–2797 109. Liu X, Jiang T, Li X, Zhao C, Li J, Zhou F, Zhang L, Zhao S, Jia Y, Shi J, Gao G, Li W, Zhao J, Chen X, Su C, Ren S, Zhou C (2020) Exosomes transmit T790M mutation-induced resistance in EGFR-mutant NSCLC by activating PI3K/AKT signalling pathway. J Cell Mol Med 24:1529–1540

110. Llorente A, Skotland T, Sylvänne T, Kauhanen D, Róg T, Orłowski A, Vattulainen I, Ekroos K, Sandvig K (2013) Molecular lipidomics of exosomes released by PC-3 prostate cancer cells. Biochimica et Biophysica Acta (BBA) - Molecular and Cell Biology of Lipids 1831:1302–1309

111. Lötvall J, Hill AF, Hochberg F, Buzás EI, Di Vizio D, Gardiner C, Gho YS, Kurochkin IV, Mathivanan S, Quesenberry P, Sahoo S, Tahara H, Wauben MH, Witwer KW, Théry C (2014) Minimal experimental requirements for definition of extracellular vesicles and their functions: a position statement from the International Society for Extracellular Vesicles. J Extracell Vesicles 3:26913

112. Lowrance WT, Thompson RH, Yee DS, Kaag M, Donat SM, Russo P (2010) Obesity is associated with a higher risk of clear-cell renal cell carcinoma than with other histologies.BJU Int 105:16–20

113. Lowrance WT, Ordoñez J, Udaltsova N, Russo P, Go AS (2014) CKD and the risk of incident cancer. J Am Soc Nephrol 25:2327–2334

114. Lv M, Zhu X, Chen W, Zhong S, Hu Q, Ma T, Zhang J, Chen L, Tang J, Zhao J (2014) Exosomes mediate drug resistance transfer in MCF-7 breast cancer cells and a probable mechanism is delivery of P-glycoprotein. Tumor Biology 35:10773–10779

115. Macleod LC, Hotaling JM, Wright JL, Davenport MT, Gore JL, Harper J, White E (2013) Risk factors for renal cell carcinoma in the VITAL study. J Urol 190:1657–1661

116. Makhov P, Joshi S, Ghatalia P, Kutikov A, Uzzo RG, Kolenko VM (2018) Resistance to Systemic Therapies in Clear Cell Renal Cell Carcinoma: Mechanisms and Management Strategies. Mol Cancer Ther 17:1355–1364

117. Mathivanan S, Ji H, Simpson RJ (2010) Exosomes: Extracellular organelles important in intercellular communication. Journal of Proteomics 73:1907–1920

118. McCubrey JA, Steelman LS, Chappell WH, Abrams SL, Wong EWT, Chang F, Lehmann B, Terrian DM, Milella M, Tafuri A, Stivala F, Libra M, Basecke J, Evangelisti C, Martelli AM, Franklin RA (2007) Roles of the Raf/MEK/ERK pathway in cell growth, malignant transformation and drug resistance. Biochim Biophys Acta 1773:1263–1284

119. McKiernan J, Simmons R, Katz J, Russo P (2002) Natural history of chronic renal insufficiency after partial and radical nephrectomy. Urology 59:816–820

120. Meric-Bernstam F, Gonzalez-Angulo AM (2009) Targeting the mTOR signaling network for cancer therapy. J Clin Oncol 27:2278–2287

121. Mevorach RA, Segal AJ, Tersegno ME, Frank IN (1992) Renal cell carcinoma: incidental diagnosis and natural history: review of 235 cases. Urology 39:519–522

122. Moch H (2016) WHO-Klassifikation von 2016 und erste S3-Leitlinie zum Nierenzellkarzinom. Der Pathologe 37:127–133

123. Moch H (2016) WHO-ISUP-Graduierungssystem für Nierenkarzinome. Der Pathologe 37:355–360

124. Motzer RJ, Mazumdar M, Bacik J, Berg W, Amsterdam A, Ferrara J (1999) Survival and Prognostic Stratification of 670 Patients With Advanced Renal Cell Carcinoma. JCO 17:2530–2530

125. Motzer RJ, Hutson TE, Tomczak P, Michaelson MD, Bukowski RM, Oudard S, Negrier S, Szczylik C, Pili R, Bjarnason GA, Garcia-del-Muro X, Sosman JA, Solska E, Wilding G, Thompson JA, Kim ST, Chen I, Huang X, Figlin RA (2009) Overall survival and updated results for sunitinib compared with interferon alfa in patients with metastatic renal cell carcinoma. J Clin Oncol 27:3584–3590

126. Mulcahy LA, Pink RC, Carter DRF (2014) Routes and mechanisms of extracellular vesicle uptake. null 3:24641

127. Navai N, Wood CG (2012) Environmental and modifiable risk factors in renal cell carcinoma. Urologic Oncology: Seminars and Original Investigations 30:220–224

128. Nickerson ML, Jaeger E, Shi Y, Durocher JA, Mahurkar S, Zaridze D, Matveev V, Janout V, Kollarova H, Bencko V, Navratilova M, Szeszenia-Dabrowska N, Mates D, Mukeria A, Holcatova I, Schmidt LS, Toro JR, Karami S, Hung R, Gerard GF, Linehan WM, Merino M, Zbar B, Boffetta P, Brennan P, Rothman N, Chow W-H, Waldman FM, Moore LE (2008) Improved identification of von Hippel-Lindau gene alterations in clear cell renal tumors. Clin Cancer Res 14:4726–4734

129. Niu S, Ma X, Zhang Y, Liu Y-N, Chen X, Gong H, Yao Y, Liu K, Zhang X (2018) MicroRNA-19a and microRNA-19b promote the malignancy of clear cell renal cell carcinoma through targeting the tumor suppressor RhoB. PLoS One 13:e0192790

130. Oliveira SHP, Lukacs NW (2003) Stem cell factor: a hemopoietic cytokine with important targets in asthma. Curr Drug Targets Inflamm Allergy 2:313–318

131. Ornitz DM, Itoh N (2015) The Fibroblast Growth Factor signaling pathway. Wiley Interdiscip Rev Dev Biol 4:215–266

132. Palapattu GS, Kristo B, Rajfer J (2002) Paraneoplastic syndromes in urologic malignancy: the many faces of renal cell carcinoma. Rev Urol 4:163–170

133. Pantuck AJ, Seligson DB, Klatte T, Yu H, Leppert JT, Moore L, O'Toole T, Gibbons J, Belldegrun AS, Figlin RA (2007) Prognostic relevance of the mTOR pathway in renal cell carcinoma: implications for molecular patient selection for targeted therapy. Cancer 109:2257–2267

134. Patel PH, Chadalavada RSV, Chaganti RSK, Motzer RJ (2006) Targeting von Hippel-Lindau Pathway in Renal Cell Carcinoma. Clin Cancer Res 12:7215

135. PETERFI L, BJERCKE T, YUSENKO MV, KOVACS G, BANYAI D (2020) Cytoplasmic Expression of AXL Is Associated With High Risk of Postoperative Relapse of Conventional Renal Cell Carcinoma. Anticancer Res 40:3485

136. Pužar Dominkuš P, Stenovec M, Sitar S, Lasič E, Zorec R, Plemenitaš A, Žagar E, Kreft M, Lenassi M (2018) PKH26 labeling of extracellular vesicles: Characterization and cellular internalization of contaminating PKH26 nanoparticles. Biochimica et Biophysica Acta (BBA) - Biomembranes 1860:1350–1361

137. Qin Z, Xu Q, Hu H, Yu L, Zeng S (2020) Extracellular Vesicles in Renal Cell Carcinoma:
Multifaceted Roles and Potential Applications Identified by Experimental and Computational
Methods. Front Oncol 10:724–724

138. Qiu M, Liu L, Chen L, Tan G, Liang Z, Wang K, Liu J, Chen H (2014) microRNA-183 plays as oncogenes by increasing cell proliferation, migration and invasion via targeting protein phosphatase 2A in renal cancer cells. Biochemical and Biophysical Research Communications 452:163–169

139. Qu J, Jiang M, Wang L, Zhao D, Qin K, Wang Y, Tao J, Zhang X (2020) Mechanism and potential predictive biomarkers of immune checkpoint inhibitors in NSCLC. Biomedicine & Pharmacotherapy 127:109996

140. Qu L, Ding J, Chen C, Wu Z-J, Liu B, Gao Y, Chen W, Liu F, Sun W, Li X-F, Wang X, Wang Y, Xu Z-Y, Gao L, Yang Q, Xu B, Li Y-M, Fang Z-Y, Xu Z-P, Bao Y, Wu D-S, Miao X, Sun H-Y, Sun Y-H, Wang H-Y, Wang L-H (2016) Exosome-Transmitted IncARSR Promotes Sunitinib Resistance in Renal Cancer by Acting as a Competing Endogenous RNA. Cancer Cell 29:653–668

141. Quan J, Pan X, Li Y, Hu Y, Tao L, Li Z, Zhao L, Wang J, Li H, Lai Y, Zhou L, Lin C, Gui Y, Ye J, Zhang F, Lai Y (2019) MiR-23a-3p acts as an oncogene and potential prognostic biomarker by targeting PNRC2 in RCC. Biomedicine & Pharmacotherapy 110:656–666

142. Ricketts CJ, De Cubas AA, Fan H, Smith CC, Lang M, Reznik E, Bowlby R, Gibb EA, Akbani R, Beroukhim R, Bottaro DP, Choueiri TK, Gibbs RA, Godwin AK, Haake S, Hakimi AA, Henske EP, Hsieh JJ, Ho TH, Kanchi RS, Krishnan B, Kwiatkowski DJ, Lui W, Merino MJ, Mills GB, Myers J, Nickerson ML, Reuter VE, Schmidt LS, Shelley CS, Shen H, Shuch B, Signoretti S, Srinivasan R, Tamboli P, Thomas G, Vincent BG, Vocke CD, Wheeler DA, Yang L, Kim WY, Robertson AG, Caesar-Johnson SJ, Demchok JA, Felau I, Kasapi M, Ferguson ML, Hutter CM, Sofia HJ, Tarnuzzer R, Wang Z, Yang L, Zenklusen JC, Zhang J (Julia), Chudamani S, Liu J, Lolla L, Naresh R, Pihl T, Sun Q, Wan Y, Wu Y, Cho J, DeFreitas T, Frazer S, Gehlenborg N, Getz G, Heiman DI, Kim J, Lawrence MS, Lin P, Meier S, Noble MS, Saksena G, Voet D, Zhang H, Bernard B, Chambwe N, Dhankani V, Knijnenburg T, Kramer R, Leinonen K, Liu Y, Miller M, Reynolds S, Shmulevich I, Thorsson V, Zhang W, Akbani R, Broom BM, Hegde AM, Ju Z, Kanchi RS, Korkut A, Li J, Liang H, Ling S, Liu W, Lu Y, Mills GB, Ng K-S, Rao A, Ryan M, Wang J, Weinstein JN, Zhang J, Abeshouse A, Armenia J, Chakravarty D, Chatila WK, de Bruijn I, Gao J, Gross BE, Heins ZJ, Kundra R, La K, Ladanyi M, Luna A, Nissan MG, Ochoa A, Phillips SM, Reznik E, Sanchez-Vega F, Sander C, Schultz N, Sheridan R, Sumer SO, Sun Y, Taylor BS, Wang J, Zhang H, Anur P, Peto M, Spellman P, Benz C, Stuart JM, Wong CK, Yau C, Hayes DN, Parker JS, Wilkerson MD, Ally A, Balasundaram M, Bowlby R, Brooks D, Carlsen R, Chuah E, Dhalla N, Holt R, Jones SJM, Kasaian K, Lee D, Ma Y, Marra MA, Mayo M, Moore RA, Mungall AJ, Mungall K, Robertson AG, Sadeghi S, Schein JE, Sipahimalani P, Tam A, Thiessen N, Tse K, Wong T, Berger AC, Beroukhim R, Cherniack AD, Cibulskis C, Gabriel SB, Gao GF, Ha G, Meyerson M, Schumacher SE, Shih J, Kucherlapati MH, Kucherlapati RS, Baylin S, Cope L, Danilova L, Bootwalla MS, Lai PH, Maglinte DT, Van Den Berg DJ, Weisenberger DJ, Auman JT, Balu S, Bodenheimer T, Fan C, Hoadley KA, Hoyle AP, Jefferys SR, Jones CD, Meng S, Mieczkowski PA, Mose LE, Perou AH, Perou CM, Roach J, Shi Y, Simons JV, Skelly T, Soloway MG, Tan D, Veluvolu U, Fan H, Hinoue T, Laird PW, Shen H, Zhou W, Bellair M, Chang K, Covington K, Creighton CJ, Dinh H, Doddapaneni H, Donehower LA, Drummond J, Gibbs RA, Glenn R, Hale W, Han Y, Hu J, Korchina V, Lee S, Lewis L, Li W, Liu X, Morgan M, Morton D, Muzny D, Santibanez J, Sheth M, Shinbrot E, Wang L, Wang M, Wheeler DA, Xi L, Zhao F, Hess J, Appelbaum EL, Bailey M, Cordes MG, Ding L, Fronick CC, Fulton LA, Fulton RS, Kandoth C, Mardis ER, McLellan MD, Miller CA, Schmidt HK, Wilson RK, Crain D, Curley E, Gardner J, Lau K, Mallery D, Morris S, Paulauskis J, Penny R, Shelton C, Shelton T, Sherman M, Thompson E, Yena P, Bowen J, Gastier-Foster JM, Gerken M, Leraas KM, Lichtenberg TM, Ramirez NC, Wise L, Zmuda E, Corcoran N, Costello T, Hovens C, Carvalho AL, de Carvalho AC, Fregnani JH, Longatto-Filho A, Reis RM, Scapulatempo-Neto C, Silveira HCS, Vidal DO, Burnette A, Eschbacher J, Hermes B, Noss A, Singh R, Anderson ML, Castro PD, Ittmann M, Huntsman D, Kohl B, Le X, Thorp R, Andry C, Duffy ER, Lyadov V, Paklina O, Setdikova G, Shabunin A, Tavobilov M, McPherson C, Warnick R, Berkowitz R, Cramer D, Feltmate C, Horowitz N, Kibel A, Muto M, Raut CP, Malykh A, Barnholtz-Sloan JS, Barrett W, Devine K, Fulop J, Ostrom QT, Shimmel K, Wolinsky Y, Sloan AE, De Rose A, Giuliante F, Goodman M, Karlan BY, Hagedorn CH, Eckman J, Harr J, Myers J, Tucker K, Zach LA, Deyarmin B, Hu H, Kvecher L, Larson C, Mural RJ, Somiari S, Vicha A, Zelinka T, Bennett J, Iacocca M, Rabeno B, Swanson P, Latour M, Lacombe L, Têtu B, Bergeron A, McGraw M, Staugaitis SM, Chabot J, Hibshoosh H, Sepulveda A, Su T, Wang T, Potapova O, Voronina O, Desjardins L, Mariani O, Roman-Roman S, Sastre X, Stern M-H, Cheng F, Signoretti S, Berchuck A, Bigner D, Lipp E, Marks J, McCall S, McLendon R, Secord A, Sharp A, Behera M, Brat DJ, Chen A, Delman K, Force S, Khuri F, Magliocca K, Maithel S, Olson JJ, Owonikoko T, Pickens A, Ramalingam S, Shin DM, Sica G, Van Meir EG, Zhang H, Eijckenboom W, Gillis A, Korpershoek E, Looijenga L, Oosterhuis W, Stoop H, van Kessel KE, Zwarthoff EC, Calatozzolo C, Cuppini L, Cuzzubbo S, DiMeco F, Finocchiaro G, Mattei L, Perin A, Pollo B, Chen C, Houck J, Lohavanichbutr P, Hartmann A, Stoehr C, Stoehr R, Taubert H, Wach S, Wullich B, Kycler W, Murawa D, Wiznerowicz M, Chung K, Edenfield WJ, Martin J, Baudin E, Bubley G, Bueno R, De Rienzo A, Richards WG, Kalkanis S, Mikkelsen T, Noushmehr H, Scarpace L, Girard N, Aymerich M, Campo E, Giné E, Guillermo AL, Van Bang N, Hanh PT, Phu BD, Tang Y, Colman H, Evason K, Dottino PR, Martignetti JA, Gabra H, Juhl H, Akeredolu T, Stepa S, Hoon D, Ahn K, Kang KJ, Beuschlein F, Breggia A, Birrer M, Bell D, Borad M, Bryce AH, Castle E, Chandan V, Cheville J, Copland JA, Farnell M, Flotte T, Giama N, Ho T, Kendrick M, Kocher J-P, Kopp K, Moser C, Nagorney D, O'Brien D, O'Neill BP, Patel T, Petersen G, Que F, Rivera M, Roberts L, Smallridge R, Smyrk T, Stanton M, Thompson RH, Torbenson M, Yang JD, Zhang L, Brimo F, Ajani JA, Gonzalez AMA, Behrens C, Bondaruk J, Broaddus R, Czerniak B, Esmaeli B, Fujimoto J, Gershenwald J, Guo C, Lazar AJ, Logothetis C, Meric-Bernstam F, Moran C, Ramondetta L, Rice D, Sood A, Tamboli P, Thompson T, Troncoso P, Tsao A, Wistuba I, Carter C, Haydu L, Hersey P, Jakrot V, Kakavand H, Kefford R, Lee K, Long G, Mann G, Quinn M, Saw R, Scolyer R, Shannon K, Spillane A, Stretch onathan, Synott M, Thompson J, Wilmott J, Al-Ahmadie H, Chan TA, Ghossein R, Gopalan A, Levine DA, Reuter V, Singer S, Singh B, Tien NV, Broudy T, Mirsaidi C, Nair P, Drwiega P, Miller J, Smith J, Zaren H, Park J-W, Hung NP, Kebebew E, Linehan WM, Metwalli AR, Pacak K, Pinto PA, Schiffman M, Schmidt LS, Vocke CD, Wentzensen N, Worrell R, Yang H, Moncrieff M, Goparaju C, Melamed J, Pass H, Botnariuc N, Caraman I, Cernat M, Chemencedji I, Clipca A, Doruc S, Gorincioi G, Mura S, Pirtac M, Stancul I, Tcaciuc D, Albert M, Alexopoulou I, Arnaout A, Bartlett J, Engel J, Gilbert S, Parfitt J, Sekhon H, Thomas G, Rassl DM, Rintoul RC, Bifulco C, Tamakawa R, Urba W, Hayward N, Timmers H, Antenucci A, Facciolo F, Grazi G, Marino M, Merola R, de Krijger R, Gimenez-Roqueplo A-P, Piché A, Chevalier S, McKercher G, Birsoy K, Barnett G, Brewer C, Farver C, Naska T, Pennell NA, Raymond D, Schilero C, Smolenski K, Williams F, Morrison C, Borgia JA, Liptay MJ, Pool M, Seder CW, Junker K, Omberg L, Dinkin M, Manikhas G, Alvaro D, Bragazzi MC, Cardinale V, Carpino G, Gaudio E, Chesla D, Cottingham S, Dubina M, Moiseenko F, Dhanasekaran R, Becker K-F, Janssen K-P, Slotta-Huspenina J, Abdel-Rahman MH, Aziz D, Bell S, Cebulla CM, Davis A, Duell R, Elder JB, Hilty J, Kumar B, Lang J, Lehman NL, Mandt R, Nguyen P, Pilarski R, Rai K, Schoenfield L, Senecal K, Wakely P, Hansen P, Lechan R, Powers J, Tischler A, Grizzle WE, Sexton KC, Kastl A, Henderson J, Porten S, Waldmann J, Fassnacht M, Asa SL, Schadendorf D, Couce M, Graefen M, Huland H, Sauter G, Schlomm T, Simon R, Tennstedt P, Olabode O, Nelson M, Bathe O, Carroll PR, Chan JM, Disaia P, Glenn P, Kelley RK, Landen CN, Phillips J, Prados M, Simko J, Smith-McCune K, VandenBerg S, Roggin K, Fehrenbach A, Kendler A, Sifri S, Steele R, Jimeno A, Carey F, Forgie I, Mannelli M, Carney M, Hernandez B, Campos B, Herold-Mende C, Jungk C, Unterberg A, von Deimling A, Bossler A, Galbraith J, Jacobus L, Knudson M, Knutson T, Ma D, Milhem M, Sigmund R, Godwin AK, Madan R, Rosenthal HG, Adebamowo C, Adebamowo SN, Boussioutas A, Beer D, Giordano T, Mes-Masson A-M, Saad F, Bocklage T, Landrum L, Mannel R, Moore K, Moxley K, Postier R, Walker J, Zuna R, Feldman M, Valdivieso F, Dhir R, Luketich J, Pinero EMM, Quintero-Aguilo M, Carlotti CG, Dos Santos JS, Kemp R, Sankarankuty A, Tirapelli D, Catto J, Agnew K, Swisher E, Creaney J, Robinson B, Shelley CS, Godwin EM, Kendall S, Shipman C, Bradford C, Carey T, Haddad A, Moyer J, Peterson L, Prince M, Rozek L, Wolf G, Bowman R, Fong KM, Yang I, Korst R, Rathmell WK, Fantacone-Campbell JL, Hooke JA, Kovatich AJ, Shriver CD, DiPersio J, Drake B, Govindan R, Heath S, Ley T, Van Tine B, Westervelt P, Rubin MA, Lee JI, Aredes ND, Mariamidze A, Spellman PT, Rathmell WK, Linehan WM (2018) The Cancer Genome Atlas Comprehensive Molecular Characterization of Renal Cell Carcinoma. Cell Reports 23:313-326.e5

143. Rini BI, Atkins MB (2009) Resistance to targeted therapy in renal-cell carcinoma. The Lancet Oncology 10:992–1000

144. Rini BI, McDermott DF, Hammers H, Bro W, Bukowski RM, Faba B, Faba J, Figlin RA, Hutson T, Jonasch E, Joseph RW, Leibovich BC, Olencki T, Pantuck AJ, Quinn DI, Seery V, Voss MH, Wood CG, Wood LS, Atkins MB (2016) Society for Immunotherapy of Cancer consensus statement on immunotherapy for the treatment of renal cell carcinoma. J Immunother Cancer 4:81–81

145. Safaei R, Larson BJ, Cheng TC, Gibson MA, Otani S, Naerdemann W, Howell SB (2005) Abnormal lysosomal trafficking and enhanced exosomal export of cisplatin in drug-resistant human ovarian carcinoma cells. Molecular Cancer Therapeutics 4:1595–1604

Schmelzle T, Hall MN (2000) TOR, a Central Controller of Cell Growth. Cell 103:253–

147. Schubert M, Junker K, Heinzelmann J (2016) Prognostic and predictive miRNA biomarkers in bladder, kidney and prostate cancer: Where do we stand in biomarker development? Journal of Cancer Research and Clinical Oncology 142:1673–1695

148. Semenza GL (2001) Hypoxia-inducible factor 1: oxygen homeostasis and disease pathophysiology. Trends in Molecular Medicine 7:345–350

149. Shaked Y, Ciarrocchi A, Franco M, Lee CR, Man S, Cheung AM, Hicklin DJ, Chaplin D, Foster FS, Benezra R, Kerbel RS (2006) Therapy-induced acute recruitment of circulating endothelial progenitor cells to tumors. Science 313:1785–1787

114

150. Shelke GV, Lässer C, Gho YS, Lötvall J (2014) Importance of exosome depletion protocols to eliminate functional and RNA-containing extracellular vesicles from fetal bovine serum. J Extracell Vesicles 3:

151. Simon T, Gagliano T, Giamas G (2017) Direct Effects of Anti-Angiogenic Therapies on Tumor Cells: VEGF Signaling. Trends in Molecular Medicine 23:282–292

152. Simpson D, Curran MP (2008) Temsirolimus. Drugs 68:631–638

153. Smaldone MC, Kutikov A, Egleston BL, Canter DJ, Viterbo R, Chen DYT, Jewett MA, Greenberg RE, Uzzo RG (2012) Small renal masses progressing to metastases under active surveillance: a systematic review and pooled analysis. Cancer 118:997–1006

154. Sonpavde G, Hutson TE (2007) Pazopanib: A novel multitargeted tyrosine kinase inhibitor. Current Oncology Reports 9:115–119

155. Sternberg CN, Davis ID, Mardiak J, Szczylik C, Lee E, Wagstaff J, Barrios CH, Salman P, Gladkov OA, Kavina A, Zarbá JJ, Chen M, McCann L, Pandite L, Roychowdhury DF, Hawkins RE (2010) Pazopanib in Locally Advanced or Metastatic Renal Cell Carcinoma: Results of a Randomized Phase III Trial. JCO 28:1061–1068

156. Sternberg CN, Hawkins RE, Wagstaff J, Salman P, Mardiak J, Barrios CH, Zarba JJ, Gladkov OA, Lee E, Szczylik C, McCann L, Rubin SD, Chen M, Davis ID (2013) A randomised, double-blind phase III study of pazopanib in patients with advanced and/or metastatic renal cell carcinoma: Final overall survival results and safety update. European Journal of Cancer 49:1287–1296

157. Théry C, Zitvogel L, Amigorena S (2002) Exosomes: composition, biogenesis and function. Nature Reviews Immunology 2:569–579

158. Thompson R. Houston, Boorjian Stephen A., Lohse Christine M., Leibovich Bradley C., Kwon Eugene D., Cheville John C., Blute Michael L. (2008) Radical Nephrectomy for pT1a Renal Masses May be Associated With Decreased Overall Survival Compared With Partial Nephrectomy. Journal of Urology 179:468–473

159. Tian T, Zhu Y-L, Zhou Y-Y, Liang G-F, Wang Y-Y, Hu F-H, Xiao Z-D (2014) Exosome uptake through clathrin-mediated endocytosis and macropinocytosis and mediating miR-21 delivery. J Biol Chem 289:22258–22267

160. Topalian SL, Drake CG, Pardoll DM (2015) Immune Checkpoint Blockade: A Common Denominator Approach to Cancer Therapy. Cancer Cell 27:450–461

161. TSUI K-H, SHVARTS O, SMITH RB, FIGLIN R, de KERNION JB, BELLDEGRUN A (2000) RENAL CELL CARCINOMA: PROGNOSTIC SIGNIFICANCE OF INCIDENTALLY DETECTED TUMORS. The Journal of Urology 163:426–430

162. Valadi H, Ekström K, Bossios A, Sjöstrand M, Lee JJ, Lötvall JO (2007) Exosomemediated transfer of mRNAs and microRNAs is a novel mechanism of genetic exchange between cells. Nature Cell Biology 9:654–659 163. VAN DER POL E, HOEKSTRA AG, STURK A, OTTO C, VAN LEEUWEN TG, NIEUWLAND R (2010) Optical and non-optical methods for detection and characterization of microparticles and exosomes. Journal of Thrombosis and Haemostasis 8:2596–2607

164. van der Pol E, Coumans F a. W, Grootemaat AE, Gardiner C, Sargent IL, Harrison P, Sturk A, van Leeuwen TG, Nieuwland R (2014) Particle size distribution of exosomes and microvesicles determined by transmission electron microscopy, flow cytometry, nanoparticle tracking analysis, and resistive pulse sensing. J Thromb Haemost 12:1182–1192

165. van Niel G, Porto-Carreiro I, Simoes S, Raposo G (2006) Exosomes: A Common Pathway for a Specialized Function. The Journal of Biochemistry 140:13–21

166. van Niel G, D'Angelo G, Raposo G (2018) Shedding light on the cell biology of extracellular vesicles. Nature Reviews Molecular Cell Biology 19:213–228

167. Vatten LJ, Trichopoulos D, Holmen J, Nilsen TIL (2007) Blood pressure and renal cancer risk: the HUNT Study in Norway. British Journal of Cancer 97:112–114

168. Vlassov AV, Magdaleno S, Setterquist R, Conrad R (2012) Exosomes: Current knowledge of their composition, biological functions, and diagnostic and therapeutic potentials. Biochimica et Biophysica Acta (BBA) - General Subjects 1820:940–948

169. Voss MH, Molina AM, Motzer RJ (2011) mTOR inhibitors in advanced renal cell carcinoma. Hematol Oncol Clin North Am 25:835–852

170. Waldenström A, Gennebäck N, Hellman U, Ronquist G (2012) Cardiomyocyte microvesicles contain DNA/RNA and convey biological messages to target cells. PLoS One 7:e34653–e34653

171. Wedam SB, Low JA, Yang SX, Chow CK, Choyke P, Danforth D, Hewitt SM, Berman A, Steinberg SM, Liewehr DJ, Plehn J, Doshi A, Thomasson D, McCarthy N, Koeppen H, Sherman M, Zujewski J, Camphausen K, Chen H, Swain SM (2006) Antiangiogenic and Antitumor Effects of Bevacizumab in Patients With Inflammatory and Locally Advanced Breast Cancer. JCO 24:769–777

172. Wei Y, Lai X, Yu S, Chen S, Ma Y, Zhang Y, Li H, Zhu X, Yao L, Zhang J (2014) Exosomal miR-221/222 enhances tamoxifen resistance in recipient ER-positive breast cancer cells. Breast Cancer Research and Treatment 147:423–431

173. Weikert S, Boeing H, Pischon T, Weikert C, Olsen A, Tjonneland A, Overvad K, Becker N, Linseisen J, Trichopoulou A, Mountokalakis T, Trichopoulos D, Sieri S, Palli D, Vineis P, Panico S, Peeters PHM, Bueno-de-Mesquita HB, Verschuren WMM, Ljungberg B, Hallmans G, Berglund G, González CA, Dorronsoro M, Barricarte A, Tormo MJ, Allen N, Roddam A, Bingham S, Khaw K-T, Rinaldi S, Ferrari P, Norat T, Riboli E (2008) Blood Pressure and Risk of Renal Cell Carcinoma in the European Prospective Investigation into Cancer and Nutrition. American Journal of Epidemiology 167:438–446

174. Wu Y, Deng W, Klinke DJ 2nd (2015) Exosomes: improved methods to characterize their morphology, RNA content, and surface protein biomarkers. Analyst 140:6631–6642

175. Wullschleger S, Loewith R, Hall MN (2006) TOR Signaling in Growth and Metabolism. Cell 124:471–484

176. Yang JC, Hughes M, Kammula U, Royal R, Sherry RM, Topalian SL, Suri KB, Levy C, Allen T, Mavroukakis S, Lowy I, White DE, Rosenberg SA (2007) Ipilimumab (anti-CTLA4 antibody) causes regression of metastatic renal cell cancer associated with enteritis and hypophysitis. J Immunother 30:825–830

177. Yarden Y, Kuang WJ, Yang-Feng T, Coussens L, Munemitsu S, Dull TJ, Chen E, Schlessinger J, Francke U, Ullrich A (1987) Human proto-oncogene c-kit: a new cell surface receptor tyrosine kinase for an unidentified ligand. EMBO J 6:3341–3351

178. Zaborowski MP, Balaj L, Breakefield XO, Lai CP (2015) Extracellular Vesicles: Composition, Biological Relevance, and Methods of Study. BioScience 65:783–797

179. Zhang Y, Bi J, Huang J, Tang Y, Du S, Li P (2020) Exosome: A Review of Its Classification, Isolation Techniques, Storage, Diagnostic and Targeted Therapy Applications. Int J Nanomedicine 15:6917–6934

180. Zhou L, Liu X-D, Sun M, Zhang X, German P, Bai S, Ding Z, Tannir N, Wood CG, Matin SF, Karam JA, Tamboli P, Sircar K, Rao P, Rankin EB, Laird DA, Hoang AG, Walker CL, Giaccia AJ, Jonasch E (2016) Targeting MET and AXL overcomes resistance to sunitinib therapy in renal cell carcinoma. Oncogene 35:2687–2697

181. Zou W, Chen L (2008) Inhibitory B7-family molecules in the tumour microenvironment.Nature Reviews Immunology 8:467–477

182. (1999) Interferon-alpha and survival in metastatic renal carcinoma: early results of a randomised controlled trial. Medical Research Council Renal Cancer Collaborators. Lancet 353:14–17

11. Danksagung

Hiermit möchte ich allen beteiligten Personen meinen Dank aussprechen, die mich bei der Anfertigung dieser Dissertation unterstützt haben.

An erster Stelle möchte ich mich bei Frau Prof. Dr. Kerstin Junker für die Überlassung des Themas sowie die enorme fachliche Unterstützung bedanken.

Besonders danken möchte ich Frau Dr. rer. nat. Angela Zaccagnino für die herausragende Betreuung während der Phase der Laborarbeit und anschließend bei der Verschriftlichung der gesamten Arbeit.

Außerdem möchte ich allen Mitarbeitenden des Forschungslabors der Urologie am UKS meinen Dank aussprechen. Insbesondere Helga Angeli, die mir die Feinheiten der Zellkultur beigebracht hat und mir während der Arbeit im Labor mit Rat und Tat zur Seite stand, möchte ich Danke sagen. Bei Greta Jaschkowitz M.Sc. möchte ich mich für die Einarbeitung in die Exosomenisolation und ihre Hilfsbereitschaft bedanken.

Meiner Familie und meinen Freunden danke ich für ihre Geduld und die unterstützenden Worte während des gesamten Studiums und darüber hinaus.

Zuletzt möchte ich mich von ganzem Herzen bei meinen Eltern bedanken. Ihr habt mir den Mut gegeben, mich allen Herausforderungen zu stellen.

12. Lebenslauf

Aus datenschutzrechtlichen Gründen wird der Lebenslauf in der elektronischen Fassung der Dissertation nicht veröffentlicht.