

**Press release****Jacobs University Bremen****Judith Ahues**

10/23/2013

<http://idw-online.de/en/news557939>Research results  
Biology, Chemistry, Medicine  
transregional, national**Immunsystemreaktion kann nun einfacher nachvollzogen werden**

**MHC-Tetramere sind wichtige Diagnosereagenzien. Das bedeutet, dass Ärzte und Wissenschaftler mit Hilfe dieser Moleküle genau verfolgen können, wie das Immunsystem eines Patienten auf einen Virus oder Tumor reagiert. Bisher war die Verwendung von MHC-Tetrameren eingeschränkt, da sie schwer herzustellen sind und ihre Produktion kostenintensiv ist. Ergebnisse der Forschungsgruppe um Sebastian Springer, Professor für Biochemie und Zellbiologie an der Jacobs University, versprechen nun das zu ändern und eine flächendeckendere Anwendung von MHC-Tetrameren zu ermöglichen.**

MHC-Klasse I-Moleküle sind Proteine, die sich an zellinnere Peptide von infizierten oder krebsartigen Zellen binden und sie an die Zelloberfläche transportieren. Dort werden die tumor- oder virusassoziierten Peptide von zytotoxischen T-Lymphozyten, auch T-Killerzellen genannt, erkannt. Die Killerzellen können infizierte oder bösartige Zellen entfernen, indem sie einen programmierten Zelltod einleiten.

Um herauszufinden, wie viele T-Killerzellen für einen bestimmten Virus oder Tumor existieren, nutzen Ärzte und Wissenschaftler dieselben MHC Klasse I Moleküle, als Vierercluster angeordnet und verbunden mit dem für den Virus oder Tumor spezifischen Peptid. Mit diesen MHC-Tetrameren wird das Blut der Patienten selektiv gefärbt – so wird ersichtlich, wie viele T-Killerzellen aktiv sind, da sie sich mit den MHC-Tetrameren verbinden. Man kann auf diese Weise verfolgen, wie stark die Immunantwort ist, und gegen welche Bestandteile der Tumorzelle oder des Virus sie sich richtet; dadurch kann man oft den späteren Verlauf der Immunreaktion vorhersagen und, falls erforderlich, durch Medikamente beeinflussen.

MHC-Tetramere werden in einem mehrstufigen Prozess hergestellt, der einige Wochen dauert und kostenintensiv ist. Für jedes neue Peptid, das analysiert werden soll, ist ein separater Produktionsprozess notwendig. Die Forschungsgruppe von Sebastian Springer hat jetzt eine Methode entwickelt, mit der es möglich ist, Tetramere mit kleinen Molekülen herzustellen. Diese Moleküle können dann später durch jedes beliebige Peptid ausgetauscht werden, was den Produktionsprozess sehr beschleunigt.

„Momentan benutzen wir Dipeptide, die nur aus zwei Aminosäuren bestehen“, erklärt Professor Springer. „Wir haben herausgefunden, dass sie sehr gut an die Peptidbindungsstellen der MHC-Tetramere binden. Am besten aber ist, dass man sie leicht wieder herausbekommen kann – indem man ihre Konzentration absenkt – und durch normale Peptide ersetzen kann, die dann fest an die Tetramere binden. Wir hoffen, dass durch unsere Arbeit MHC-Tetramere schneller und günstiger hergestellt werden können.“

Die Arbeit ist in den Proceedings of the National Academy of Science of the USA (17.9.2013) erschienen.

Fragen zur Studie beantwortet:

Sebastian Springer | Professor für Biochemie und Zellbiologie

E-Mail: [s.springer@jacobs-university.de](mailto:s.springer@jacobs-university.de) | Tel.: 0421 200-3243



Prof. Sebastian Springer