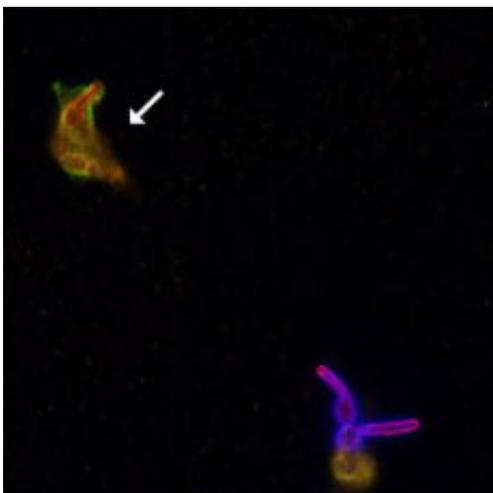


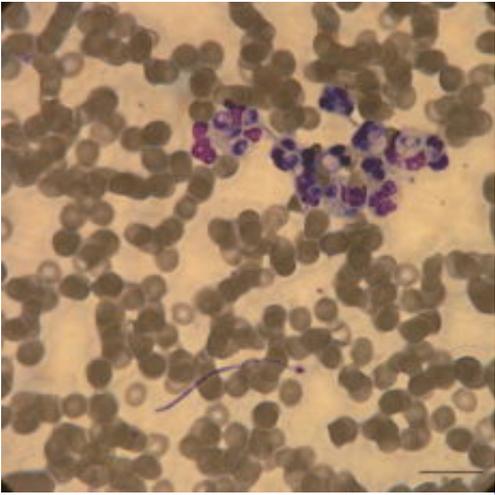
Infektionsmodelle mit humanen Immunzellen

Zur Analyse der Erreger-Wirt-Interaktion im Rahmen systemischer Infektionen und Sepsis nutzen wir – auch in Kooperation mit zahlreichen Gruppen am HKI - Infektionsmodelle für primäre humane Immunzellen wie neutrophile Granulozyten [PMN], Monozyten [MoC], dendritische Zellen [DC] und Natürliche Killerzellen [NKC] (Heddergott et al., 2012; das Gupta et al., 2014, Miramon et al., 2014). Eine wichtige Rolle bei diesen Analysen spielt insbesondere das live-cell-imaging. Wir konnten sowohl eine pro-inflammatorische als auch eine antifungale Aktivität von NK Zellen gegenüber *C. albicans* nachweisen und zeigen, dass der Pilz von NKC phagozytiert wird. Zudem modulieren NKC die antifungale Aktivität von PMN (Voigt et al., 2013). In Kooperation mit der FG MI wurde in einem Mausmodell die proinflammatorische Rolle der NKC bei einer *C. albicans*-Sepsis weiter untersucht. NKC-depletierte Mäuse wiesen eine höhere Lebensdauer infolge einer Abschwächung der inflammatorischen Reaktion auf (Quintin et al., 2014). Um die Interaktion von verschiedenen humanen Immunzellen in der Antwort auf pathogene Pilze analysieren zu können, wurde ein Vollblutinfektionsmodell etabliert. Dieses erlaubt eine Analyse der Verteilung von Erregern in unterschiedlichen Kompartimente. Zeitgleich kann die Aktivierung von Immunzellen und die Erregeradaptation quantifiziert werden. In Kooperation mit der FG ASB wurde ein virtuelles Infektionsmodell entwickelt, das die Dynamik dieser Interaktion messbar macht (Hünniger et al., 2014).



Auskeimende Zellen der humanpathogenen Hefe *C. albicans* werden von einer NK Zelle phagozytiert.

-



C. albicans assoziiert im Blut vorwiegend mit neutrophilen Granulozyten.