

## Unterschiede und Gemeinsamkeiten einer zellulären und humoralen Diagnostik

# Lymphozytentypisierung versus funktionelles Eiweißprofil

Dr. med. Sus Herbosch

Mikroimmuntherapie und funktionelle Proteomik sind beides diagnostische und therapeutische Verfahren mit langjähriger Tradition (und, nebenbei bemerkt, belgischem Hintergrund). Die Lymphozytentypisierung als diagnostische Basis der Mikroimmuntherapie legt dabei den Fokus auf Vorgänge, die intrazellulär und über die Zellwand erfolgen, die funktionelle Proteomik dagegen auf extrazelluläre Veränderungen im Serum. Da beide Verfahren über die extrazelluläre Matrix miteinander verbunden sind, drängt es sich auf, sie auch miteinander zu vergleichen. Dieser Vergleich war Anlass für einen Vortrag im Rahmen der Medizinischen Woche Baden-Baden 2014.

Anfang 2014 erschien in der Belgischen Ärztezeitung ein interessantes Interview mit Jo Bury, dem Direktor des Vlaams Instituut voor Biotechnologie (VIB), unter dem Titel „Personalisierte Medizin muss so individuell sein wie unsere DNA“. <sup>1</sup> Jo Bury fordert, dass die Medizin der Zukunft stratifiziert sein müsse, diagnostisches und therapeutisches Vorgehen also in verschiedenen, einander komplementären Schichten erfolgen solle. Obwohl seit über 20 Jahren die Ansprechrate bei 20 bis 70 % stagniert, gilt in der Schulmedizin noch immer das Prinzip „one fits all“. Die Praxis lehrt uns aber, dass die pathophysiologischen Mechanismen vermeintlich gleicher Krankheiten sehr unterschiedlich sind und wir sie daher nicht alle mit einer einheitlichen Therapie erfolgreich behandeln können. Eine „stratifizierte Medizin“ kann nach Bury in drei Stufen ablaufen:

1. reduktionistisch: auf individuelle Reaktionsketten zielend
2. holistisch: die zahlreichen Interaktionen der molekularen Mechanismen beachtend
3. multidisziplinär: mit Anwendung von verschiedenen Verfahren wie z.B. Bio-Informatik oder Nano-Elektronik

Das waren Stichworte für die folgende retrospektive Analyse: Sowohl die Mikroimmuntherapie als auch die funktionelle Proteomik berufen sich aufgrund ihrer diagnostischen Grundlagen (Lymphozytentypisierung einerseits und Eiweißprofil andererseits) darauf, multidisziplinäre Methoden mit Anwendungen von Bio-Informatik zu sein. Was bei Bury fehlt, ist die Stärke des Therapeuten, nämlich die Übersetzung von solchen vergleichenden Laborergebnissen in eine interdisziplinär optimierte Anwendung am Patienten.

## Diagnostische Grundlagen der Verfahren

Die Lymphozytentypisierung, auch Immunphänotypisierung genannt, umfasst eine quantitative Bewertung unterschiedlicher Lymphozyten-subpopulationen mittels fluoreszenzmarkierter monoklonaler Antikörper aus EDTA-Blut, wodurch eine unspezifische Bewertung des Immunzustands zu einem bestimmten Zeitpunkt vor dem Hintergrund des vorliegenden klinischen Zustands des Patienten möglich ist. Sie stellt ein wichtiges Hilfsmittel bei der Diagnosestellung, der Therapieausrichtung und der Verlaufskontrolle vor allem in der Mikroimmuntherapie dar.<sup>2,3</sup> Die grafische Darstellung einer untersuchten Subpopulation erfolgt dabei in Perzentilen der Norm (= 100). Das Prinzip der Immunphänotypisierung ist ein weltweit anerkanntes Standardverfahren.

Das funktionelle Eiweißprofil (nach C.E.I.A.) ist ein dynamisches Laborverfahren, bestehend aus einer Serie von Fällungstests, die das Reaktionsverhalten von verschiedenen Proteingruppen im Serum erfassen und damit vor allem deren gestörte Funktion aufzeigen. Chronisch kranke Patienten, bei denen der pathophysiologische Mechanismus oder sogar die eigentliche Diagnose unklar ist, wie chronische Erschöpfung, Fibromyalgie, Spasmophilie usw., sind die Hauptzielgruppe für die funktionelle Proteomik.<sup>4</sup>

Das funktionelle Eiweißprofil teilt mittels einer Standardreihe von Reagenzien das gesamte Serumproteom in vier große Gruppen (Tab. 1). Es ist reproduzierbar und wird statistisch auf dem Boden von fast 3 Millionen Daten in Typen eingeteilt: Gemäß der Konstellation der einzelnen Parameter können acht Hauptveränderungen, entsprechend den vier Proteingruppen und ihrem Verhalten (hyper- oder hyporeaktiv), unterschieden werden, z. B. Typ **Hypergrün**, Typ **Hyporot** usw. Diese Einteilung erleichtert die diagnostische Beurteilung und kann auch zu Vergleichsuntersuchungen mit anderen Verfahren herangezogen werden.

- **Glykoproteine: Reaktionsfähigkeit der zellulären Immunität**
- **Lipoproteine: Reaktionsfähigkeit des Nervensystems**
- **Immunglobuline mit kleinem Molekulargewicht: humorale Immunität (Antikörper) unter endokriner Modulation**
- **Immunglobuline mit großem Molekulargewicht: humorale Immunität (Antikörper) unter exokriner Modulation (MIS-MALT)**

## Materialien und Methoden

Bei der hier dargestellten Vergleichsuntersuchung wurden Analysenpaare aus Lymphozytentypisierung (EDTA-Blut) und funktionellem Eiweißprofil (Nüchternserum) von 92 Patienten retrospektiv erfasst (25 ♂, 67 ♀). Hinsichtlich einer zuverlässigen Vergleichbarkeit der Auswertung wäre ein gemeinsames Analysedatum zwar wünschenswert gewesen, dies war jedoch für diese nachträgliche Untersuchung nicht praktikabel. Es wurde daher festgelegt, dass die Analysedaten maximal 100 Tage auseinanderliegen durften. Aus der Praxis des Autors konnten so 32 Paare, aus der Praxis eines mitarbeitenden Kollegen, Dr. Dirk van Renterghem, 60 Paare gesammelt werden. Beobachtungszeitraum war von Januar 2004 bis September 2014, das durchschnittliche Analyseintervall betrug 30 Tage.

Die Parameter zur Beurteilung der Lymphozytentypisierung in dieser Untersuchung entnehmen Sie Tabelle 2. Als Grundlage zur Berechnung der Hypo-, Norm- oder Hyperreaktivität bei diesen Lymphozytenparametern dienten Normwerte und -bereiche des Labors CRI, Gent (Belgien). Aus der Verteilung der Ergebnisse (Tabelle 3 und 4) ist ersichtlich, dass mehr als 2/3 der Lymphozytentypisierungen eine normale Reaktivität zeigten, weniger als 1/3 hyporeaktiv waren und entsprechend nur sehr vereinzelt hyperreaktive Befunde auftraten, dies besonders bei den NK-Zellen (spezifische Hyperreaktivität). Auffallend war, dass bei 75 von 92 Befunden eine intrazelluläre Belastung bestand, nachweisbar in dem verschobenen Verhältnis von T8c- zu T8s-Lymphozyten.

Bei der Beurteilung der Eiweißprofile wurden zunächst nicht abweichende (= schmale) Profile ohne Typologie von solchen mit Abweichung und Typenbildung unterschieden. Schmale Profile waren deutlich in der Minderzahl. Die Verteilung der Eiweißprofiltypologien wurde prozentual erfasst (Tab. 5); da mehrere Typologien parallel in einem Eiweißprofil auftreten können, ist die Gesamtsumme größer als 100 %. Es fällt auf, dass die Typen „Hypogrün“ und „Hyporot“ deutlich vorherrschen.

- eine globale Hypo- oder Hyperreaktivität bezogen auf die absolute Lymphozytenzahl (CD45+)
- eine spezifische Hypo- oder Hyperreaktivität die T4-, T8-, T8c- und B-Lymphozyten betreffend
- eine Hypo- oder Hyperreaktivität der NK-Zellen (CD3-)
- eine Hypo- oder Hyperreaktivität der T-aktivierten Zellen (Tact)
- das Verhältnis von T8c- zu T8s-Zellen

Tab. 2: Parameter zur Beurteilung der Lymphozytentypisierung

	T- Lymph.	T4	T8	T8c	B-Lymph.	NK	TACT
Hypo	22	13	13	11	12	14	20
Normal	67	75	73	73	76	66	64
Hyper	3	4	6	8	4	12	8

Tab. 3: Verteilung der Lymphozytentypisierungsparameter

globalE Hypo	globalE Hyper	spezif. Hypo	spezif. Hyper	T8c > T8s	T8c < T8s
22 (24 %)	3 (3 %)	1 (1 %)	10 (11 %)	53 (58 %)	32 (35 %)

Tab. 4: Prozentualer Anteil der Reaktivitäten und intrazellulären Belastung

Hypogrün	Hypergrün	Hyporot	Hyperrot	Hypoblau	Hyperblau
50 %	25 %	43 %	23 %	18 %	16 %
Hypoviolett		Hyperviolett		Kein Typ	
10 %		15 %		9,8 %	

Tab. 5: Verteilung der Typologie im Eiweißprofil

Das Verhältnis dieser Typologien zu der Reaktivität der ausgesuchten Subpopulationen der Lymphozyten wurde mit einer T-Test-Analyse überprüft. Neben einer qualitativen (ja/nein) Auswertung der acht möglichen Typologien wurden auch die einzelnen Parameter des Eiweißprofils (Anzahl 52, Einheit: UnBCD) einschließlich ihrer Standardabweichung ( $\sigma$ , bezogen auf ein altersgleiches Kollektiv) mit den genannten Parametern der Lymphozytentypisierung über eine Boxplot-Analyse in Form von Kastengrafiken statistisch ausgewertet. Mittels Varianzanalyse (Anova) wurden Korrelationen von  $p < 0,05$  erhalten. Folgende Korrelationstypen konnten beobachtet werden: proportional, umgekehrt proportional, nur hypo-hypo, nur hyper-hyper. Beispiele sind in den Abbildungen 1 bis 4 dargestellt.

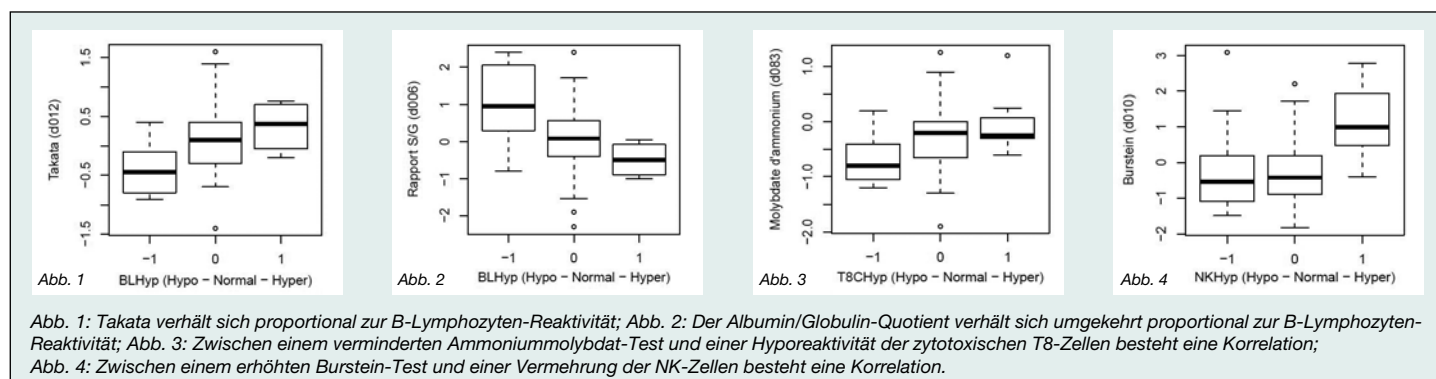
## Präsentation der Ergebnisse

Insgesamt war die Anzahl der statistisch validen Testpaare aus funktionellem Eiweißprofil und Lymphozytentypisierung eher gering. Die T-Test-Analyse ergab, dass für die Profiltypen nur folgende Korrelationen signifikant waren:

- hyporeaktive T8c-Zellen und Typ **Hyperrot**
- hyporeaktive B-Lymphozyten und Typ **Hypogrün**
- hyperreaktive NK-Zellen und Typ **Hyperrot**
- hyporeaktive NK-Zellen und Typ **Hyporot**
- hyporeaktive NK-Zellen und Typ **Hypogrün**

Die Einzelparameteranalyse über Kastengrafik-(Boxplot)-Analyse ergab folgendes Ergebnis:

- Bei T8- und Tact-Zellen finden sich viele signifikante Korrelationen zu den Immunglobulinen mit großem (**violett**) und kleinem (**blau**) Molekulargewicht. Hier dominieren Verhältnisse hyper-hyper, also hyperreaktive Subpopulationen mit erhöhten Immunglobulin-Tests.
- Ein erniedrigter **Ammoniummolybdat-Test** und ein erniedrigter **Takata-Test** haben beide eine signifikante Korrelation mit mehreren hyporeaktiven Subpopulationen.
- Wie bei dem Ergebnis mit **Hyperrot** korrelieren alle erhöhten Lipoprotein-Parameter gut mit den hyperreaktiven NK-Zellen. Zwei **Glykoprotein-Tests** verhalten sich auch so (**Cetavlon** und **Histidin**).
- Darüber hinaus korrelieren verschiedene **Glykoprotein-Tests** direkt proportional mit den B-Lymphozyten, teilweise übereinstimmend mit der Korrelation von **Hypogrün** und hyporeaktiven B-Lymphozyten.
- Interessante Ergebnisse ergeben sich aus den Korrelationen mit Bildern der intrazellulären Belastung, die zu möglichen therapeutischen Optionen führen: Drei Eiweißprofilparameter mit Bezug zum humoralen System (**Jod**, **Pikrinsäure** und **MgCl<sub>2</sub> DDS**) korrelieren, allerdings umgekehrt, mit diesen Veränderungen. So findet man bei einem Verhältnis T8c < T8s (starre oder blockierte virale Abwehr) eine Hyperreaktion, bei einem Verhältnis T8c > T8s (reaktivierte virale Abwehr) eine Hyporeaktion.



## Diskussion der Ergebnisse

Sowohl die funktionelle Proteomik als auch die Immunphänotypisierung erheben einen Immunstatus, treffen also eine Aussage, ob das mehrstufige Abwehrsystem regulär arbeitet oder ob eine Hypo- oder eine Hyperreaktion vorliegt. Das funktionelle Eiweißprofil bestimmt im Serum gelöste Proteine, also die humorale Seite des Abwehrsystems. Es hat eine Besonderheit: es kann über die Gruppe der Lipoproteine auch das Nervensystem erfassen. Die Lymphozytentypisierung diagnostiziert die zelluläre Seite der lympho-plasmozytären Abwehr. Mit einer ergänzenden serologischen Diagnostik aus der Mikroimmuntherapie können Ursachen für Funktionsstörungen konkretisiert werden, nämlich infektiöse Ursachen bei viraler oder bakterieller Reaktivierung.

Für diese retrospektive Untersuchung wurden 92 Analysenpaare aus funktionellen Eiweißprofilen und Lymphozytentypisierungen gesammelt, innerhalb dieser schon niedrigen Gesamtzahl fanden sich nur wenige signifikante Korrelationen. Dabei war der Anteil der nicht pathologisch veränderten Lymphozytentypisierungen sehr hoch, während völlig „normale“ Eiweißprofile in der Minderzahl waren. Das wirft sofort die Frage auf, ob diese beiden Verfahren überhaupt statisch vergleichbar sind, weil von einer unterschiedlichen Sensitivität ausgegangen werden muss. Anders formuliert: Im Sinne der eingangs angesprochenen „Stratifizierung“, also einer Schichtenbildung, ist das Eiweißprofil wahrscheinlich das „höher-schichtige“ Verfahren. Für den Überblick hier die drei wichtigsten Ergebnisse:

1. Immunglobulin-Tests (Proteine mit kleinem (blau) und großen (violett) Molekulargewicht) zeigen zahlenmäßig die meisten Korrelationen mit den Parametern der Lymphozytentypisierung.
2. Deutlich waren die Korrelationen der Lipoprotein-Tests (rot) vor allem mit den NK-Zellen.
3. Glykoprotein-Tests (grün) korrelieren kaum, und wenn doch, dann mit den B-Lymphozyten und NK-Zellen.

Ein näherer Einblick in die Auswertung zeigt, dass maximal 5 Korrelationen der Subpopulationen aus der Lymphozytentypisierung pro Eiweißprofilparameter gefunden werden konnten. Unter den Top-10 dieser Eiweißprofilparameter fanden sich ausschließlich Parameter mit Bezug zum humoralen lympho-plasmozytären System. Diese Immunglobulin-Parameter spiegeln sowohl die **exogene (Darm-assoziierte, Grenzflächen-abhängige)** als **endogene (endokriner modulierten)** humorale Immunität wider.

So zeichnen sich die beiden Tests, **Takata** und **Ammoniummolybdat**, durch eine signifikante Korrelation zur Gamma-Globulinfraktion der Elektrophorese und damit zur humoralen Immunabwehr aus. Gleichzeitig konnte bei der vorliegenden Analyse gezeigt werden, dass ein erniedrigter **Takata-Test** mit erniedrigten totalen Lymphozyten, T4-, T8-, T8c- und B-Lymphozyten korreliert und ein erhöhter **Takata-Test** sich direkt proportional zu den B-Lymphozyten, den Repräsentanten des humoralen Abwehrsystems, verhält. Ein erniedrigter **Ammoniummolybdat-Test** korreliert mit erniedrigten totalen Lymphozyten, T8c- und B-Lymphozyten, ein erhöhter Test mit T8-Zellen. In diesem Punkt konnten also zwischen proteomischer Reaktion der Immunglobuline und lymphozytärer Konstellation Entsprechungen gefunden werden, allerdings bestanden auch Divergenzen.

Das gilt insbesondere für die gefundenen Korrelationen bei Vorliegen einer intrazellulären Belastung in der Lymphozytentypisierung (T8c – T8s – c/s). Drei endogene Parameter mit Bezug auf das lymphoplasmozytäre System (**Jod**, **Pikrinsäure** und **MgCl<sub>2</sub> DDS**) korrelieren in beiden Fällen, aber gegenläufig. Ein Verhältnis von T8c < T8s, (siehe hierzu Abb. 5), das einer blockierten viralen Abwehrsituation entspricht, korreliert in dieser Untersuchung nicht

mit einer verminderten, sondern gesteigerten Testreaktion dieser Eiweißprofilparameter. Ein Verhältnis von T8c > T8s dagegen, das als reaktivierte virale Abwehr und deutlich bessere Situation zu bewerten ist, ist mit erniedrigten Immunglobulin-Tests verbunden. Dabei warf sich die Frage auf, ob die T8s-Zellen, senescente Zellen mit suppressorischer Wirkung, eine parallele Entwicklung nehmen wie die genannten Immunglobuline.

Ursprünglich wurden die Korrelationen zu den T8s-Zellen nicht in die Analyse miteinbezogen. Dies wurde jetzt nachgeholt, weil die T8s-Zellen so deutlich die Unterscheidung zwischen Podium- und Kathedralenbild ermöglichen. Das Ergebnis erbrachte, dass erhöhte T8s-Werte (separat, nicht nur im Podium-Verband) mit einer Erhöhung von folgenden humoralen Eiweißprofilparametern korrelieren (hierarchische Reihenfolge): **Jod**, **Pikrinsäure**, **Natrium-wolfrumphosphat**, **MgCl<sub>2</sub> DDS**.

Vielleicht kann daraus in der Zukunft eine unmittelbare therapeutische Konsequenz folgen, denn für drei von diesen Tests liegen als Immuntherapeutika sogenannte Antifractionen (C5) vor. Diese könnten möglicherweise bei der Behandlung einer intrazellulären Virusbelastung im Sinne einer Starre ergänzt werden. Antifractionen sind in der funktionellen Proteomik am Tiermodell produzierte Parameter-spezifische Antiseren, die in der Lage sind, den entsprechenden Parameter zu erniedrigen: Antifraction C5 **Jod**, Antifraction C5 **Pikrinsäure**, Antifraction C5 **MgCl<sub>2</sub> DDS**.

Aus Sicht der Anwender der funktionellen Proteomik galt es in dieser Vergleichsanalyse vor allem eine seit Jahren wichtige Hypothese zu überprüfen: Kann man von einer Immundysbalance im funktionellen Eiweißprofil sprechen, wenn sich Parameter der zellulären Abwehr (**grüne Glykoprotein-Parameter: Th<sub>1</sub>**) und der humoralen Abwehr (**blaue und violette Immunglobulin-Parameter: Th<sub>2</sub>**) polarisiert gegenüberstehen? Und entspricht dieser Polarisierung einer Konstellation aus CD4/Th<sub>1</sub> + CD8 (zelluläre Abwehr) einerseits und CD4/Th<sub>2</sub>/B-Lymphozyten (humorale Abwehr) andererseits (Abb. 6)?

Letzteres kann aufgrund der Ergebnisse dieser Untersuchung bejaht werden, aber die Beziehung der **Glykoproteine** zu den Subpopulationen der Lymphozytentypisierung muss neu bewertet werden. Denn zwischen Profilbildern mit **erhöhten Glykoproteinen (Typ Hypergrün)** als Ausdruck einer Inflammation, vermittelt über die myeloide Reihe der Hämatopoese, und der Lymphozytentypisierung wurden kaum Korrelationen gefunden, es gab allerdings eine Ausnahme, nämlich die Korrelation einer absolut erhöhten B-Lymphozytenzahl in Zusammenhang mit erhöhten Glykoprotein-Tests (**Cetavlon**, **Kupferacetat**, **Nickelsulfat**, **Kaliumphthalat**, **Histidin**, **Aluminon**).

Das scheint zunächst der bislang zugewiesenen Funktion der Glykoproteine zu widersprechen, die in der funktionellen Proteomik Repräsentanten der zellulären Abwehr sind, während die B-Lymphozyten wegen der Bildung von Antikörpern die eigentlichen Zellen der humoralen Abwehr sind. Möglicherweise löst sich dieser Widerspruch auf, wenn man den Verlauf einer Erkrankung und die unterschiedliche Sensitivität dieser untersuchten Verfahren berücksichtigt, zumal der Zeitpunkt der Blutabnahme in einzelnen Fällen abweichen konnte.

Es besteht sicher ein Unterschied zwischen den Reaktionszeiten beider Verfahren auf krankmachende Agentien, insbesondere bei Entzündungen, wenn die **Glykoproteine** ins Spiel kommen. Das Eiweißprofil erfasst extrazelluläre Veränderungen frühzeitig, während die Lymphozytentypisierung reagiert, wenn eine intrazelluläre Erregerbelastung und -reaktivierung über längere Zeit besteht. Zum näheren Verständnis sei dieses Beispiel angeführt: Die akute Stomatitis aphthosa bei einer Patientin (38 J.) führt zu einer ausgeprägten **Hyperreaktion der grünen entzündlichen Glykoprotein-Parameter** (Abb. 7a), andererseits findet sich ein quasi „stummes“ Lymphozytentypisierungsbild (Abb. 7b).

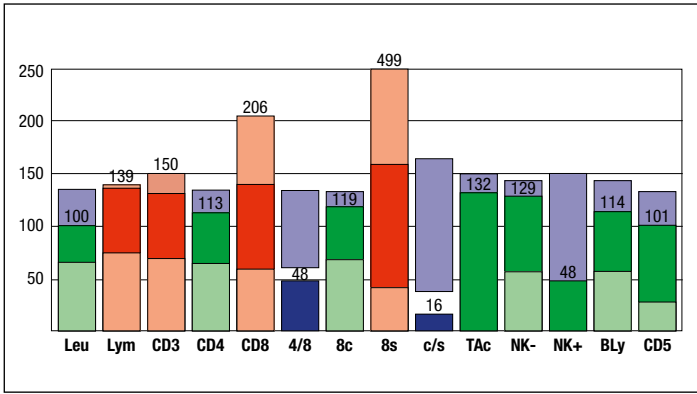


Abb. 5: Lymphozytentypisierung mit zwei Podium-Bildern auf MCH I und II

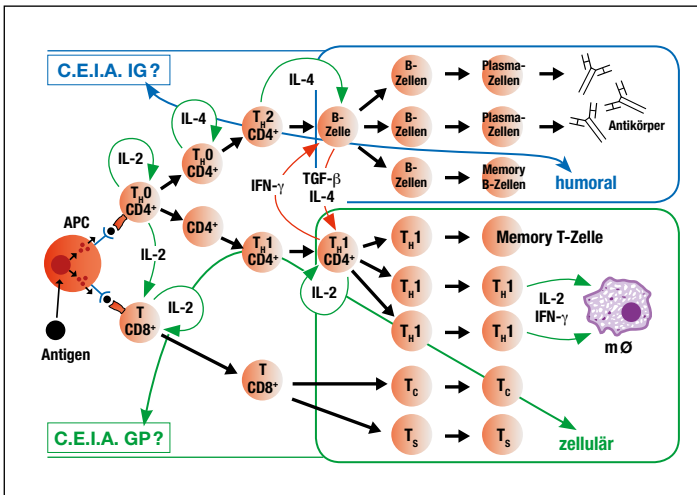


Abb. 6: Schematische Darstellung der humoralen und zellulären Abwehr<sup>5</sup>

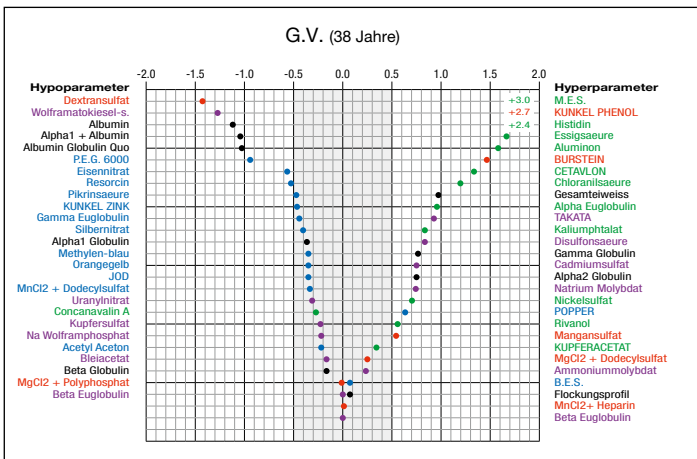


Abb. 7a: Beispiel: Eiweißprofil bei Stomatitis aphthosa

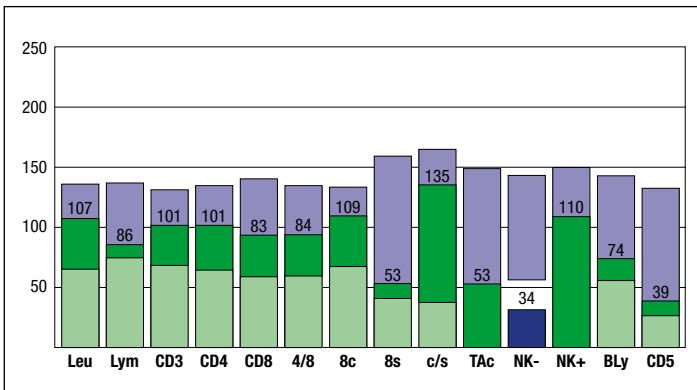


Abb. 7b: Beispiel: Lymphozytentypisierung bei Stomatitis aphthosa

Möglicherweise kann aus dieser und anderen Beobachtungen geschlossen werden, dass sich Lymphozytentypisierung und Eiweißprofil bei der Erfassung zellulärer Abwehrvorgänge in ihrem diagnostischen Wert ergänzen, denn von der Lymphozytentypisierung werden myeloide Vorgänge schlecht erfasst, während das Eiweißprofil bei pathologischen viralen Reaktionen Schwächen zeigt.

Weiterhin für uns überraschend war die deutliche Korrelation der hyperreaktiven NK-Zellen mit allen erhöhten Lipoprotein-Tests außer Kunkel Phenol. Parallel bestand eine Korrelation mit dem Typ Hyperrot und den reaktiv erhöhten NK-Zellen. NK-Zellen sind die eigentlichen zytotoxischen Zellen, die alles eliminieren, was nicht MHC-Moleküle besitzt und daher als körperfremd erkannt wird. So stehen hyperreaktive NK-Zellen für ein alarmiertes Immunsystem bei akuten und schweren Infektionen, aber auch bei Tumorerkrankungen.<sup>6</sup>

Vielleicht deckt die vorliegende Untersuchung eine bislang unbekannte fettstoffwechselabhängige, neurovegetative Steuerung der NK-Zellen auf, denn die Lipoproteine des Eiweißprofils haben eine breite Funktionalität von der Ernährung über die Verdauung und den Metabolismus der Leber bis hin zur neurovegetativen Steuerung. Außerdem weiß man von einer nachgeordneten Funktion der Lipoproteine, nämlich dass sie Lipopolysaccharide von Bakterienmembranen binden können und damit bei purulenten Infektionen eine Abwehrrolle spielen.<sup>7</sup> Möglicherweise ist dies ein Beispiel einer ergänzenden Abwehrfunktion zellulärer und humoraler Faktoren, die in diesen beiden Untersuchungen, Lymphozytentypisierung und Eiweißprofil, deutlich wird.

### Fazit und Ausblick

Von uns erwartete Korrelationen zwischen Lymphozytentypisierung und Eiweißprofil blieben aus, beispielsweise werden Immundysbalance-Profile aus der Typenkonstellation Hypogrün – Hyperblau/violett nicht von hyporeaktiven T- und hyperreaktiven B-Lymphozyten begleitet. Immerhin finden sich einzelne Immunglobuline, deren Zuordnung zur humoralen Abwehr gut belegt ist, bei entsprechenden lymphozytären Veränderungen wieder.

Wir werden bei der nächsten Untersuchungsreihe die Treg-Zellen miteinfassen, möglicherweise ergeben sich dabei weitere belastbare Korrelationen. Interessant erscheint, dass proteomische Lipoproteine ihre Funktionen auch im Bereich des Immunsystems abbilden können. Falls folgende Untersuchungen einen solchen Zusammenhang bestätigten, ließen sich beide Verfahren sehr gut komplementär einsetzen – besonders hinsichtlich des therapeutischen Ansatzes von Regulatoren des vegetativen Nervensystems. Aus Sicht des Therapeuten könnten bei viraler Starre die homöopathisierten Antiseren der korrelierten Eiweißprofilparameter eine interessante Ergänzung bieten.

Autor:

Dr. med. Sus Herbosch, Facharzt für Allgemeinmedizin,  
Naturheilverfahren und Akupunktur  
Praxisgemeinschaft Nieuwelaan Meise (B), Konsulent C.E.I.A. Brüssel  
Neerpoorten 29, B-1861 Wolvertem  
E-Mail: sus.herbosch@telenet.be

### Literatur

- 1 Raeymaekers P: Gepersonaliseerde geneeskunde maakt deel uit van ons DNA. Interview met Jo Bury en Jérôme Van Biervliet (ViB). Artsenkrant 2014 (1); Nr. 2348, S. 10f
- 2 Vgl. www.labolife.info
- 3 Heitz C: Mikroimmuntherapie. Diagnostik und Therapie immunologischer Erkrankungen. Foitzick Verlag 2011
- 4 Fischer S (Hrsg.), Herbosch S, Sauer H: Funktionelle Proteomik: Krankheitsursachen frühzeitig erkennen und gezielt behandeln. Elsevier Verlag 2008
- 5 Haggström M: Medical gallery of Mikael Haggström 2014. Wikiversity Journal of Medicine 1 (2). DOI:10.15347/wjm/2014.008 (modified), © via Wikimedia Commons
- 6 Schmetzer O: BASICS Immunologie, Elsevier 2013
- 7 Han R: Plasma lipoproteins are important components of the immune system. Microbiol Immunol. 2010; 54(4): 246-53