



Malaria: Ein Parasit geht online

Informationen und Aufklärung zum Thema Malaria sind gefragter und wichtiger denn je. Laut Weltgesundheitsorganisation sind ca. 40% der Weltbevölkerung von der Infektionskrankheit bedroht und mindestens zwei Millionen Menschen sterben jährlich daran. Im Internet sind zahlreiche Websites mit wissenschaftlichen Informationen über Malaria frei zugänglich, und der Nutzer hat bei einer gezielten Fragestellung häufig die Qual der Wahl, wo er seine Suche beginnen soll. Seitdem die Genome des Malaria-Erregers *Plasmodium falciparum*, des Menschen und der krankheitsübertragenden Mücke *Anopheles gambiae* sequenziert worden sind, wendet sich die Forschungsgemeinschaft wieder intensiver der Frage zu, welche Funktionen diese Gene und ihre benachbarten Bereiche eigentlich haben. Antworten auf diese Frage werden für die Malaria-Community – aber auch für andere parasitologisch oder biochemisch interessierte Leser – auf der

Website „Malaria Parasite Metabolic Pathways“ zusammengefasst.

Die Website gibt eine Übersicht zu den grundlegenden biochemischen Stoffwechselwegen der Parasiten und erfreut zusätzlich mit detaillierten, malariaspezifischen Abbildungen. Den Nutzer erwarten gut geordnete Informationen zum Lebenszyklus des Malaria-Erregers, zu Protein-Protein-Wechselwirkungen, zu Parasit-Wirt-Wechselwirkungen sowie zu dem Invasionsprozess der Parasiten in rote Blutkörperchen (Abbildung 1). Leider wird bislang nur den Blutstadien des Malaria-Erregers Rechnung getragen, nicht aber dem gesamten Lebenszyklus, der auch Sporoziten, humane Leberstadien, sexuelle Formen der Parasiten sowie Parasitenstadien in der Anophelesmücke beinhaltet.

Unter dem Link „contact“ können Experten zu den jeweils interessierenden Stoffwechselgebieten per E-Mail kontaktiert werden, sodass der Nutzer seine speziellen Fragen direkt an führende Malariaforscher richten kann. Wer sich weitergehend über Malaria informieren möchte – seien es nun soziale Aspekte der Krankheit oder auch Sequenzen spezieller Gene – wird unter „links“ auf die wichtigsten Seiten und Datenbanken der Malariaforschung im Internet verwiesen.

Die Stoffwechselwege sind einheitlich und größtenteils übersichtlich dargestellt: Edukt(e) und Produkt(e) werden namentlich angeführt, Strukturformeln wurden der Übersichtlichkeit geopfert, können aber per Mausklick aufgerufen werden. Enzyme sind zusätzlich mit EC-Nummer (EC: enzyme commission) versehen, und detaillierte Informationen diesbezüglich sind ebenfalls per Mausklick zugänglich. Eine Suchfunktion ermöglicht die Identifizierung von Proteinen innerhalb der aufgeführten Stoffwechselwege per Name oder EC-Nummer. Leider ist dies für die Stoffwechselzwischenpro-

dukte (noch) nicht der Fall. Einige Proteinbezeichnungen, die in der Suchfunktion ausgewählt werden können, führen noch zu keinem Ergebnis (z.B. „von Willebrand factor“ oder „CR1/CD35“).

Die Website versucht, speziell auf den Metabolismus der Malaria-Erreger einzugehen: Nützliche Links verweisen auf PubMed mit einer Auflistung der malariaspezifischen Primärliteratur zum „aktivierten“ Stoffwechselweg. Die zelluläre Kompartimentierung der Stoffwechselwege wird teilweise wiedergegeben und die Trennung zwischen dem Stoffwechsel von Wirt und Parasit ist ebenfalls graphisch hervorgehoben. Leider ist aus den Darstellungen (noch) nicht ersichtlich, welche Enzyme und Stoffwechselwege aufgrund allgemein gültiger biochemischer Überlegungen postuliert werden (I), auf Gensequenzvergleichen basieren (II) oder tatsächlich *in vitro* oder *in vivo* charakterisiert wurden (III). Die Stoffwechselkarte verleitet somit etwas dazu, von Genomsequenzen abgeleitete Proteinsequenzen als metabolisch aktive Enzyme einzuordnen. Der Nutzer darf sich also auch hier dazu aufgefordert fühlen, übersteigerte Dateninterpretation im postgenomischen Zeitalter zu vermeiden.

Die kontinuierlich wachsende Website von Hagai Ginsburg (Hebrew University, Jerusalem) und Mitarbeitern stellt eine erstklassige Grundlage für das weitere Arbeiten am Puzzle des Plasmodien-spezifischen Stoffwechsels dar. Die Untersuchung der Strukturen und Funktionen von Proteinen sowie malariaspezifischer Stoffwechselwege ist zur Zeit der vielversprechendste Ansatzpunkt im Kampf gegen die Infektionskrankheit.

Marcel Deponte, Katja Becker-Brandenburg
Universität Giessen

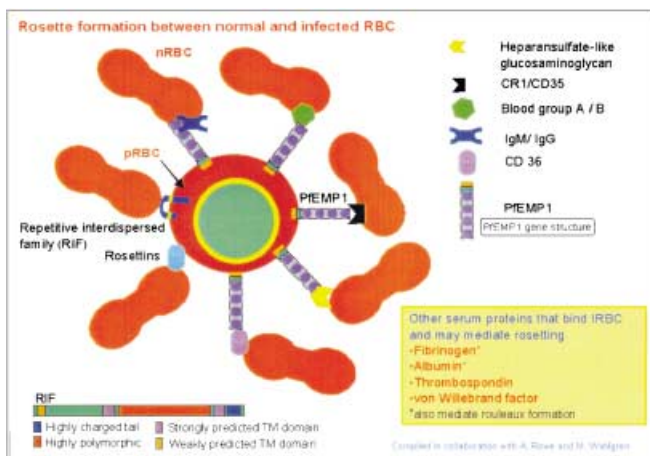


Abbildung 1. Rosetten-Bildung zwischen normalen und infizierten roten Blutkörperchen.

Für weitere Informationen besuchen Sie:
<http://www.sites.huji.ac.il/malaria/>
oder nehmen Sie Kontakt auf mit hagai@vms.huji.ac.il