

03.01.2014

<http://idw-online.de/de/news567867>

Forschungsergebnisse, Studium und Lehre
Ernährung / Gesundheit / Pflege, Medizin
überregional



Malaria: Molekularer Marker spürt Resistenzen gegenüber Artemisinin-Derivaten auf

Forscher des Institut Pasteur in Paris, des Pasteur-Instituts in Kambodscha, des CNRS (Zentrum für wissenschaftliche Forschung) und des National Institutes of Health (NIAID/NIH) haben einen molekularen Marker entdeckt, mit dem sich Malaria-Erreger aufspüren lassen, die eine Resistenz gegenüber Artemisinin-Derivaten (Standardmedikamente zur Behandlung von Malaria) aufweisen.

Diese Entdeckung ermöglicht:

- o ein besseres Verständnis darüber, wie die Erreger eine Resistenz gegenüber Artemisinin-Derivaten entwickeln
- o eine strengere Überwachung der Ausbreitung resistenter Formen und
- o eine Anpassung wirksamer Therapien gegen diese Krankheit.

Seit etwa zehn Jahren weisen die Erreger im Westen Kambodschas immer öfter eine Resistenz gegenüber Artemisinin-Derivaten auf, selbst gegenüber den neuesten Kombinationstherapien, was die wirksame Bekämpfung dieser Krankheit bedroht. Bislang beschränkte sich die Überwachung der Ausbreitung resistenter Malaria-Erreger allein auf klinische Studien, die jedoch schwierig umzusetzen und kostspielig sind.

Jetzt haben die Forscher eine entscheidende Entdeckung gemacht: Sie identifizierten einen molekularen Marker, der eng mit der Resistenz des Malariaerregers *Plasmodium falciparum* gegen das Medikament Artemisinin verbunden ist. Mit ihm lassen sich resistente Malariaformen aufspüren, ihre Verbreitung kartographieren und wirksame Therapien entwickeln.

Die Forscher sequenzierten das Genom eines Stammes des *Plasmodium falciparum* Erregers, welcher zuvor im Labor resistent gemacht wurde, und verglichen ihn mit seinem nichtresistenten Stamm-Zwilling. Dabei entdeckten sie, dass der im Labor modifizierte Stamm durch die Ausbildung von Mutationen in einem bestimmten Gen Resistenzen gegenüber hohen Artemisinin-Dosen entwickelt.

Der Polymorphismus dieses Gens wurde anschließend bei resistenten Stämmen in Kambodscha untersucht. Die Forscher stellten einen engen Zusammenhang zwischen dem Auftreten des mutierten Gens und der künstlich erzeugten bzw. der natürlichen Resistenz bei Patienten fest. Die Analyse der zahlreichen Stämme die in den letzten zehn Jahren in Kambodscha zusammengetragen wurden, zeigt eine zunehmende Ausbreitung mutierter Erreger. Die Forscher konnten so nachweisen, dass die Mutationen eine zuverlässige molekulare Signatur für die Resistenz gegenüber Artemisinin-Derivaten darstellen, was die gezielte Suche nach diesen Erregern vereinfacht.

Kontakt:

- Pasteur Pressedienst - Nadine Peyrolo - nadine.peyrolo@pasteur.fr - +33 145 68 8147

Quelle: Pressemitteilung des CNRS – 16.12.2013 -
http://www2.cnrs.fr/sites/communique/fichier/cp_marqueur_paludisme_vf.pdf

Redakteur: Louis Thiebault, louis.thiebault@diplomatie.gouv.fr – <http://www.wissenschaft-frankreich.de>

