

Malaria wieder auf dem Vormarsch – Innovative Tools für Bekämpfung nötig

Hamburg zum bevorstehenden Weltmalaria-Tag, dem 25.04.2026 - Malaria ist weiterhin weit verbreitet, mit zuletzt wieder steigenden Fallzahlen. Das Bernhard-Nocht-Institut für Tropenmedizin (BNITM) ist seit Jahrzehnten in der Malariaforschung aktiv und arbeitet mit zahlreichen Forschungsgruppen unter anderem daran, die Krankheit und den Malariaparasiten besser zu verstehen. Auch das 2025 gegründete Data Science Center trägt dazu bei: Mit neuen bioinformatischen Analysetools und Künstlicher Intelligenz werden große Datenmengen ausgewertet und komplexe Zusammenhänge sichtbar gemacht. Das bildet eine wichtige Grundlage, um die Malariaforschung weiter voranzubringen.

Malaria bleibt trotz jahrzehntelanger Bekämpfung eine große globale Gesundheitsbedrohung. Laut dem World Malaria Report 2025 der Weltgesundheitsorganisation (WHO) wurden im Jahr 2024 weltweit rund 282 Millionen Erkrankungen und etwa 610.000 Todesfälle verzeichnet. In jüngster Zeit ist die Zahl der Fälle wieder leicht angestiegen. Besonders betroffen sind Kinder unter fünf Jahren in Subsahara-Afrika. Zwar konnten seit dem Jahr 2000 viele Millionen Leben gerettet werden, doch die Fortschritte verlangsamten sich. Gründe dafür sind unter anderem Resistenzen gegen Medikamente und Insektizide, Auswirkungen des Klimawandels sowie schwache Gesundheitssysteme. Die WHO betont, dass verstärkte internationale Anstrengungen und innovative Ansätze dringend notwendig sind, um die Malaria langfristig einzudämmen.

„Seit über 100 Jahren engagiert sich das Bernhard-Nocht-Institut für Tropenmedizin in der Erforschung und Bekämpfung von Malaria“, sagt Prof. Jürgen May, Vorstandsvorsitzender des BNITM. „Angesichts stagnierender Fortschritte und neuer Herausforderungen wird deutlich, wie wichtig neue wissenschaftliche Ansätze sind. Ein Schlüssel liegt dabei auch in der Nutzung moderner Datenanalyse. Mit unserem Data Science Center entwickeln wir bioinformatische Werkzeuge, die helfen, den Malariaparasiten und seine komplexen Anpassungsmechanismen besser zu verstehen. So eröffnen wir neue Wege für die Forschung und Bekämpfung der Malaria.“

Durch Verwandlung des Immunsystems austricksen

Der Malariaerreger *Plasmodium falciparum* lebt einen Teil seines Lebens im menschlichen Blut: Er dringt in rote Blutkörperchen ein und nutzt sie als Versteck und Vermehrungsort. Dabei bringt er spezielle Parasitenproteine, sogenannte PfEMP1 (= *Plasmodium falciparum* erythrocyte membrane protein 1), auf der Oberfläche der roten Blutkörperchen an. Diese Proteine machen die infizierten Zellen zwar für das menschliche Immunsystem erkennbar, erfüllen aber eine entscheidende Überlebensfunktion. Ohne diese Eiweiße würden die infizierten Blutkörperchen in die Milz gelangen und dort aufgrund ihrer veränderten Eigenschaften aus dem Blut entfernt werden. Die PfEMP1-Proteine sorgen dafür, dass die infizierten Blutkörperchen an den Wänden kleiner Blutgefäße haften bleiben und so der Filterfunktion der Milz entgehen. Der Nachteil ist, dass Immunzellen die infizierten roten Blutkörperchen an den PfEMP1-Proteinen erkennen können. Um trotzdem auch für einen längeren Zeitraum im Menschen zu überleben, nutzt der Parasit einen Trick: Er kann die PfEMP1-Proteine austauschen – wie ein Verwandlungskünstler, der immer wieder sein Aussehen durch ein neues Outfit ändert. So muss das Immunsystem den Erreger kontinuierlich neu erkennen

und bekämpfen. Der Malariaparasit kann die PfEMP1-Proteine auswechseln, da in seinem Erbgut circa 60 Varianten dieses Proteins in seinen var-Genen kodiert sind. Er kann also zwischen vielen Varianten wechseln, wobei er immer nur eine Proteinvariante zurzeit bildet, die er auf der Oberfläche des roten Blutkörperchens platziert.

Dr. Anna Bachmann, Leiterin einer Laborgruppe am BNITM, forscht an den var-Genen des Malariaparasiten. „Uns interessiert besonders, warum manche Infektionen mild verlaufen, während andere lebensbedrohlich werden“, sagt die Biologin. „Ein entscheidender Faktor sind die PfEMP1-Proteine auf der Oberfläche infizierter roter Blutkörperchen. Je nachdem, welche Variante der Parasit bildet, binden diese Zellen unterschiedlich stark an die Wände kleiner Blutgefäße.“ Einige Varianten führen dazu, dass sich infizierte Blutkörperchen in lebenswichtigen Organen wie dem Gehirn festsetzen, den Blutfluss behindern und eine starke Immunantwort hervorrufen. Das kann schwere Komplikationen auslösen. Andere Varianten binden weniger stark und sind eher mit mildereren Krankheitsverläufen verbunden. „Wenn wir verstehen, welche Varianten wann und wo im Körper zu finden sind, können wir besser nachvollziehen, wie unterschiedliche Krankheitsverläufe entstehen“, so Bachmann.

Bioinformatisches Puzzle

Um herauszufinden, welche var-Gene ein Malariaparasit in einer Infektion tatsächlich nutzt, sequenzieren Anna Bachmann und ihre Kolleg:innen aus dem Data Science Center des BNITM die RNA aus Blutproben von Malariapatient:innen – also die Abschriften der Gene, die gerade aktiv sind. Hier beginnt die Herausforderung: Die var-Gene des Malariaparasiten gehören zu den komplexesten und variabelsten Genfamilien überhaupt. Sie unterscheiden sich stark zwischen einzelnen Parasiten und kodieren viele verschiedene Domänen. Bei der Sequenzierung erhalten die Forschenden nicht vollständige var-Gensequenzen, sondern nur Fragmente davon. Sie müssen diese Teile wie bei einem Puzzle zu vollständigen var-Genen zusammensetzen. Herkömmliche Auswertungsmethoden stoßen hier schnell an ihre Grenzen. Bachmann und ihr Team haben bioinformatische Ansätze verbessert, sodass sie nun die Vielzahl kurzer Sequenzfragmente korrekt zusammensetzen und den einzelnen var-Genen zuordnen können. So machen die Wissenschaftler:innen sichtbar, welche Varianten in einer Infektion aktiv sind.

„Wenn wir besser verstehen, welche PfEMP1-Varianten ein Parasit bildet und wie sie mit schweren Krankheitsverläufen zusammenhängen, eröffnet uns das neue Möglichkeiten“, sagt Bachmann. „Langfristig könnten solche Erkenntnisse dazu beitragen, das Risiko für schwere Malaria bei einzelnen Patientinnen und Patienten besser einzuschätzen und sie entsprechend enger zu überwachen und gezielter zu behandeln. Außerdem helfen sie uns, die Krankheitsmechanismen der Malaria insgesamt besser zu verstehen.“

Digitale Methoden entschlüsseln den Malariaparasiten

Prof. Thomas Otto leitet seit September 2025 die Abteilung Digitale Infektionsbiologie im Data Science Center des BNITM. Er entwickelt schon seit vielen Jahren bioinformatische Werkzeuge für die Malariaforschung. Beispielsweise hat er in früheren Arbeiten mit seinem Team erstmals in großem Maßstab die weltweite Vielfalt der var-Gene von *Plasmodium falciparum* analysiert. Mithilfe von Künstlicher Intelligenz haben Otto und sein Team ein Verfahren entwickelt, das die var-Gene bestimmten Gruppen mit unterschiedlichen Eigenschaften zuordnet – Informationen, die sonst nur durch zusätzliche, aufwändige und kostenintensive Methoden gewonnen werden könnten. Dieses Verfahren funktioniert auch, wenn nur Teile der var-Gene vorliegen, wie sie bei genetischen Analysen der Laborgruppe Bachmann entstehen. In einer weiteren Studie nutzte sein Team moderne bioinformatische Verfahren, um einzelne Immunzellen bei Malariapatient:innen detailliert zu analysieren. Dabei zeigte sich, dass bestimmte Immunzellen bei erkrankten Kindern besonders stark

aktiviert sind und entzündliche Signalwege verstärkt ablaufen. Dies ein zentraler Mechanismus, der darüber mitentscheidet, wie schwer eine Malariaerkrankung verläuft.

„Die genetische Vielfalt des Malariaparasiten ist enorm. Genau das macht ihn so schwer greifbar“, sagt Otto. „Mit bioinformatischen Methoden und Künstlicher Intelligenz können wir diese Komplexität systematisch erfassen. So gewinnen wir ein viel genaueres Bild von Plasmodium falciparum als bisher und hoffen, die Malaria langfristig gezielter bekämpfen zu können.“

Publikationen

Andradi-Brown C. et al. A novel computational pipeline for var gene expression augments the discovery of changes in the Plasmodium falciparum transcriptome during transition from in vivo to short-term in vitro culture. *Elife* 2024. DOI: 10.7554/eLife.87726

Otto T. D. et al. Evolutionary analysis of the most polymorphic gene family in falciparum malaria. *Wellcome Open Res.* 2019. DOI: 10.12688/wellcomeopenres.15590.1

Pangilinan E. A. et al. upsML: A high-accuracy machine learning classifier for predicting Plasmodium falciparum var gene upstream groups. *PLoS One* 2026. DOI: 10.1371/journal.pone.0344557

Morang'a C. M. et al. scRNA-seq reveals elevated interferon responses and TNF- α signaling via NF κ B in monocytes in children with uncomplicated malaria. *Experimental Biology and Medicine* 2025, DOI: 10.3389/ebm.2024.10233

Über das Bernhard-Nocht-Institut für Tropenmedizin (BNITM)

Das BNITM ist Deutschlands größte Einrichtung für Forschung, Versorgung und Lehre auf dem Gebiet tropentypischer und neu auftretender Infektionskrankheiten. Aktuelle thematische Schwerpunkte bilden Malaria, hämorrhagische Fiebertypen, vernachlässigte Tropenerkrankungen (NTDs), Immunologie, Epidemiologie und die Klinik tropischer Infektionen sowie die Mechanismen der Übertragung von Viren durch Stechmücken. Für den Umgang mit hochpathogenen Viren und infizierten Insekten verfügt das Institut über Laboratorien der höchsten biologischen Sicherheitsstufe (BSL4) und ein Sicherheits-Insektarium (BSL3). In zahlreichen Ländern des Globalen Südens unterstützt das BNITM beim Aufbau von (mobilen) Laborkapazitäten.