

Wirtschafts-News Baden 4.0

PSI und UZH finden neuen Ansatz für Krebstherapie

27. Juli 2026

Villigen AG/Zürich - Forschende des Paul Scherrer Instituts (PSI) und der Universität Zürich (UZH) haben eine Proteinstruktur entdeckt und entschlüsselt, die unter anderem bei der Hälfte aller Melanome am Tumorwachstum beteiligt ist. Jetzt wird nach Wirkstoffen gesucht, die diese Struktur blockieren.



([CONNECT](#)) Forschende des [PSI](#) und der [UZH](#) haben die Tür für neue Krebstherapien geöffnet, die gegen eine der gefährlichsten Krebsarten, den schwarzen Hautkrebs, eingesetzt werden könnten. Sie haben eine bislang unbekannte Proteinstruktur entdeckt, eine Mutation des Proteins namens B-Raf.

Die Hälfte dieser auch Melanom genannten Tumore und weitere 7 Prozent aller anderen Krebsarten weisen eine Mutation dieses Proteins auf. „Krebstumore, die von B-Raf-Mutationen betroffen sind, gelten als besonders aggressiv und schwer zu behandeln“, erklärt Yasushi Kondo vom PSI-Zentrum für Life Sciences in einer [Mitteilung](#) des PSI. Er ist auch der Erstautor der jetzt in der Fachzeitschrift „Molecular Cell“ veröffentlichten Studie des Teams.

Das B-Raf-Protein ist Teil eines zentralen Signalübertragungswegs in allen menschlichen Zellen. Erhält es das entsprechende Signal, verbinden sich zwei B-Raf-Proteine zu einem sogenannten aktiven Dimer und geben damit grünes Licht für den nächsten Schalter. Bleibt es aus, stoppt der Verkehr. Mutiertes B-Raf hebt diese Kontrolle auf und der Tumor wächst ungebremst.

Bei ihren Untersuchungen der molekularen Struktur von B-Raf-Dimeren an der [Synchrotron Lichtquelle Schweiz](#) des PSI und an der [Diamond Light Source](#) im englischen Didcot und ihren Analysen an menschlichen Zellen an der Universität Zürich entdeckten die Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler eine bislang unbekannte Form der B-Raf-Dimere. Diese ist mit einem weiteren Protein verbunden, dem MEK1. „Uns ist in dieser Studie erstmals eine hochaufgelöste Visualisierung der genauen Struktur dieses Gebildes in seiner aktiven funktionellen Form geglückt“, so Kondo.

Dies ist bei der Entwicklung von Medikamenten hilfreich. Denn „je genauer wir die Form der Bausteine kennen, desto genauer können wir Wirkstoffe designen, die wirklich passen“. Daher wird am PSI mit Unterstützung der [Stiftung Krebsforschung Schweiz](#) bereits nach Molekülen gesucht, die an den nun entschlüsselten Proteinkomplex binden und so das unerwünschte Signal unterbinden können. ce/mm