

UMG-Forschende entdecken neuen Mechanismus, der die Ausbreitung von Gebärmutterhalskrebs fördert

Forschende der Universitätsmedizin Göttingen (UMG) haben einen neuen molekularen Mechanismus entdeckt, der künftig Ansatzpunkte für zielgerichtete Therapien bei Gebärmutterhalskrebs liefern könnte. Die Ergebnisse der Studie wurden im Fachjournal „Cell Death Discovery“ veröffentlicht.

Gebärmutterhalskrebs zählt weltweit zu den häufigsten Krebserkrankungen bei Frauen. Obwohl durch HPV-Impfungen und Vorsorgeuntersuchungen viele Erkrankungen verhindert oder früh erkannt werden können, erkranken jedes Jahr weltweit mehr als 600.000 Frauen neu. Insbesondere für Patientinnen mit fortgeschrittenen oder therapieresistenten Tumoren werden neue molekulare Angriffspunkte dringend benötigt. Forschende der Universitätsmedizin Göttingen (UMG) haben jetzt einen neuen molekularen Mechanismus entdeckt, der das Fortschreiten von Gebärmutterhalskrebs begünstigt. Im Mittelpunkt der Studie steht der Transkriptionsfaktor MSX1, der Tumorzellen beweglicher macht und damit ihre Ausbreitung fördern kann. Gleichzeitig identifizierte das Forschungsteam einen Signalweg, dessen Hemmung die aggressiven Eigenschaften der Krebszellen deutlich abschwächt. Die Ergebnisse liefern neue Erkenntnisse über die Entstehung und Ausbreitung von Gebärmutterhalskrebs und eröffnen Perspektiven für die Entwicklung zielgerichteter Therapien.

Das Forschungsteam um Priv.-Doz. Dr. Florian Wegwitz, Arbeitsgruppenleiter im Labor für Molekulare Gynäkologie der Klinik für Gynäkologie und Geburtshilfe der UMG, und Prof. Dr. Julia Gallwas, Direktorin der Klinik für Gynäkologie und Geburtshilfe der UMG, konnte zeigen, dass der Transkriptionsfaktor MSX1 entgegen bisheriger Annahmen bei Gebärmutterhalskrebs nicht ausschließlich tumorhemmende Eigenschaften besitzt. Die Wissenschaftler*innen fanden heraus, dass MSX1 bereits in Krebsvorstufen des Gebärmutterhalses aktiviert wird und Eigenschaften fördert, die Tumorzellen besonders aggressiv machen. Dazu gehören eine erhöhte Beweglichkeit sowie die Fähigkeit, sich leichter im Gewebe auszubreiten. Diese funktionellen Zusammenhänge untersuchte das Team an zwei Gebärmutterhalskrebs-Zelllinien. Zudem zeigte sich, dass Patientinnen mit einer hohen MSX1-Expression eine ungünstigere Prognose aufweisen. Die Studie wurde jetzt im internationalen Fachjournal *Cell Death Discovery* veröffentlicht.

Originalpublikation: Brücker P., Horn S., Jansari S. et al. Identification of tumor-promoting functions of the Homeobox family transcription factor MSX1 in cervical cancer. *Cell Death Discovery* (2026). DOI: 10.1038/s41420-026-03191-y

„Unsere Studie zeigt, dass MSX1 bei Gebärmutterhalskrebs eine bislang unterschätzte Rolle spielt. Wir konnten erstmals zeigen, wie dieser Transkriptionsfaktor die Beweglichkeit und Aggressivität von Tumorzellen über den RHO/RAC/CDC42-Signalweg steuert. Damit haben wir einen molekularen Mechanismus identifiziert, der neue Ansatzpunkte für die Entwicklung zielgerichteter Therapien bieten könnte“, sagt Priv.-Doz. Dr. Florian Wegwitz, Letztautor der Studie und Arbeitsgruppenleiter an der Klinik für Gynäkologie und Geburtshilfe der UMG.

Neuer Ansatzpunkt für zukünftige Therapien

Um die zugrunde liegenden biologischen Prozesse besser zu verstehen, untersuchte das Team die Signalwege, die durch MSX1 beeinflusst werden. Dabei zeigte sich, dass MSX1 den sogenannten RHO/RAC/CDC42-Signalweg aktiviert. Dieser reguliert die Organisation des Zellskeletts und spielt eine entscheidende Rolle für die Beweglichkeit von Zellen. Wird dieser Signalweg experimentell gehemmt, verlieren die Krebszellen einen Großteil ihrer aggressiven Eigenschaften und ihre Fähigkeit zur Ausbreitung nimmt deutlich ab.

Darüber hinaus identifizierten die Forschenden den Transkriptionsfaktor FOS als weiteren wichtigen Vermittler dieses Prozesses. Gemeinsam tragen MSX1, der RHO/RAC/CDC42-Signalweg und FOS dazu bei, dass Tumorzellen beweglicher werden und sich besser an belastende Bedingungen anpassen können. Mithilfe moderner genomweiter Analysen sowie funktioneller Untersuchungen in Zellmodellen gelang es dem Team, diesen bislang unbekannten Zusammenhang detailliert zu entschlüsseln.

„Um Patientinnen mit fortgeschrittenem oder besonders aggressivem Gebärmutterhalskrebs künftig noch gezielter behandeln zu können, müssen wir die biologischen Grundlagen der Erkrankung genau verstehen. Unsere Ergebnisse tragen dazu bei, neue therapeutische Angriffspunkte zu identifizieren und sind ein wichtiger Schritt auf dem Weg, aktuelle Forschungserkenntnisse langfristig in eine verbesserte Patientenversorgung zu überführen. Genau darin liegt der Anspruch eines Onkologischen Spitzenzentrums: Forschungsergebnisse möglichst schnell in den klinischen Alltag zu bringen“, sagt Prof. Dr. Julia Gallwas, Direktorin der Klinik für Gynäkologie und Geburtshilfe der Universitätsmedizin Göttingen.

Die Studie entstand an der Klinik für Gynäkologie und Geburtshilfe der UMG in Zusammenarbeit mit dem Institut für Pathologie der UMG sowie Kooperationspartnern der Ludwig-Maximilians-Universität München und der Universität Augsburg. Die Ergebnisse leisten einen wichtigen Beitrag zum besseren Verständnis der molekularen Mechanismen von Gebärmutterhalskrebs und schaffen eine Grundlage für die weitere Erforschung neuer therapeutischer Strategien.