



**FORSCHUNGSPROJEKT**

„Neue Idee gegen Pocken“

**PRANJAL MEEL**

Internationales Doktorandenkolleg „RNAmed“

JMU Würzburg, Januar 2026

## Abschrift von Pockenviren blockieren

Pranjal Meel absolvierte ihren integrierten BS-MS am Indian Institute of Science Education and Research in Mohali (Indien) und promoviert derzeit in der Arbeitsgruppe von Prof. Dr. Utz Fischer am Biozentrum der Universität Würzburg. Sie kombiniert Labor-Hochdurchsatztests mit strukturbasierten, computergestützten Bindungsvorhersagen, um neue Wirkstoffansätze gegen Pockenviren zu identifizieren und deren Kopiermaschinerie gezielt zu stoppen.

### Virales Kopieren: Ansatzpunkt für Medikamente

Pockenviren sind vergleichsweise große Viren, die vom Tier auf den Menschen überspringen können. Meist bleiben solche Ausbrüche begrenzt, doch der Mpox-Ausbruch im Jahr 2022 zeigte, dass sich diese Viren auch weltweit ausbreiten und dabei schwere Verläufe sowie Todesfälle verursachen können. Hinzu kommen neue Varianten, die sich leichter übertragen oder zu schwereren Verläufen führen. Da es bisher nur wenige wirksame Medikamente gegen Pockenviren gibt, sind neue Wirkstoffe dringend erforderlich.

Pockenviren sind bei ihrer Vermehrung weniger vom Kapern der „Maschinen“ der Wirtszelle abhängig als viele andere Viren. Sie bringen viele eigene Arbeitsgeräte mit und können sich im Wirt relativ selbstständig vermehren. Ein zentraler Schritt ist dabei das Kopieren der viralen Erbinformation: Dabei stellt das Virus RNA-Abschnitte (Ribonukleinsäure) her, die als Baupläne für neue Virusbestandteile dienen. Dafür benötigt es ein Kopier-Enzym (die virale Polymerase) sowie mehrere Helfer-Eiweiße. Wenn dieses System blockiert wird, kann das Virus weniger RNA herstellen und sich schlechter vermehren.

Pranjal Meel untersucht, wie diese Kopier-Maschinerie aufgebaut ist und wie sie Schritt für Schritt arbeitet. Hochauflösende 3D-Strukturen zeigen ihr, wo sich entscheidende Kontaktstellen und „Taschen“ befinden, an die kleine Moleküle binden könnten. Um passende Wirkstoffkandidaten zu finden, kombiniert sie zwei Ansätze: (1) Hochdurchsatztests im Labor und (2) eine strukturbasierte, computergestützte Suche mit Bindungsvorhersagen. Im Labor nutzt sie einen Reagenzglas-Test (in-vitro-Transkriptionsassay), der nachstellt, wie das Virus seine Abschriften erzeugt. Ein sehr empfindliches Messverfahren zeigt, ob eine Substanz diesen Prozess bremst und somit als Wirkstoff infrage kommen könnte.

Ein erster Ansatz mit rund 3.000 Substanzen hat bereits mehrere Treffer geliefert. Diese werden jetzt mit weiteren, unabhängigen Tests geprüft, um sichere Kandidaten von Fehlalarmen zu trennen. Parallel dazu werden am Computer sehr viele Moleküle virtuell an ausgewählten Bindestellen der Maschinerie getestet. Sobald neue 3D-Daten oder Messwerte vorliegen, werden die Modelle verbessert und die Suche wiederholt – so greifen Experiment und virtuelle Auswahl iterativ ineinander.

### Warum das große Potenzial hat

Über die Trefferliste hinaus wird geklärt, wo und wie die Substanzen an die virale Maschinerie binden (Bindestelle und Bindungsmodus) und wie stark und wie schnell sie wirken (Potenz und Kinetik). So können die vielversprechendsten Kandidaten gezielt weiterentwickelt, Wirkprinzipien verstanden und frühzeitig entschieden werden, welche Moleküle sich als Ausgangspunkt eignen. Das Ziel besteht darin, mindestens einen robusten Lead-Kandidaten als Startpunkt für die spätere Optimierung zu einem antiviralen Medikament zu erhalten, das die virale Abschrift spezifisch hemmt.

Mehr zum Internationalen Doktorandenkolleg:

🔗 [\*Elitenetzwerk: Internationale Doktorandenkollegs\*](#)

🔗 [\*Graduiertenprogramm | Helmholtz-Institut Würzburg | HELMHOLTZ HIRI\*](#)