



Philipps



Universität
Marburg

Masterarbeit in Bioinformatik mit Forschungsaufenthalt in Australien

Prof. Dr. Dominik Heider
dominik.heider@uni-marburg.de

Thema: Parallelisierung von HIV Resistenzvorhersagen

Nach Schätzungen der WHO (World Health Organization) kam es im Jahre 2011 zu 2,7 Millionen Neuinfektionen mit HIV und 1,8 Millionen Menschen sind an den Folgen der HIV-Erkrankung gestorben. HIV ist damit, nach den Atemwegsinfektionen, die Infektionskrankheit mit den meisten Todesfällen. Mittlerweile sind mehr als 37 Millionen Menschen an AIDS gestorben.

Antivirale Behandlung kann die Virusreplikation in HIV-infizierten Patienten unterdrücken und somit das Fortschreiten der Infektion verhindern. Leider treten aufgrund der hohen Mutationsrate von HIV immer wieder Resistenzen auf, die die antivirale Behandlung unwirksam machen. Die hohe Mutationsrate führt zu einer schnellen Anpassung der Viren an die Medikamente und somit zu einer Entwicklung von resistenten Virusvarianten. Dies führt dann unweigerlich zu einem Versagen der antiviralen Behandlung. Automatische Klassifikation und Vorhersage von Medikamentenresistenzen sind daher von großer Bedeutung sowohl für die HIV-Forschung als auch im klinischen Alltag. Eine neue Generation von Sequenzieretechniken (next generation sequencing, NGS) macht es möglich mehrere Millionen Virus-Sequenzen aus einem Patienten zu isolieren. Mit diesen Sequenzen kann dann eine umfassende Analyse bereits vorhandener Medikamentenresistenzen erfolgen und eine optimale Auswahl an Behandlungen generiert werden. Durch die große Anzahl der Sequenzen ist aber eine iterative Vorhersage, aufgrund der dafür benötigten Zeit, nicht möglich.

In diesem Projekt sollen bestehende Klassifikationsmodelle parallelisiert (z.B. SIMD) werden und in ein benutzerfreundliches Java-Framework eingebunden werden. Das Framework soll zudem die automatische Verarbeitung von NGS-Daten ermöglichen.

Die Arbeit ist in das Projekt ID:57216949, gefördert vom DAAD aus Mitteln des Bundesministeriums für Bildung und Forschung (BMBF), eingebunden und beinhaltet einen 10-tägigen Forschungsaufenthalt am RMIT in Melbourne, Australien.



Literatur

- [1] Olejnik M, Steuer M, Gorlatch S, Heider D: gCUP: rapid GPU-based HIV-1 coreceptor usage prediction for next-generation sequencing. *Bioinformatics* 2014, 30(22):3272-3273.
- [2] Riemenschneider M, Hummel T, Heider D: SHIVA - a web application for drug resistance and tropism testing in HIV. *BMC Bioinformatics* 2016, 17:314.

Bitte melden Sie sich bei Interesse per Email bei:
Prof. Dr. Dominik Heider - dominik.heider@uni-marburg.de

02.11.2016