



Übersicht der Aktivitäten für das Jahr 2016

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

Zusammenfassung

Die Arbeitsgruppe Bioinformatik hat im Jahr 2016 elf Publikationen in wissenschaftlichen Zeitschriften veröffentlicht. Die abgedeckten Themenfelder beinhalteten insbesondere Analysen der Biodiversität von Mikroorganismen [1], biotechnologische Anwendungen [2], sowie Modelle für die Medizin und Diagnostik. Dabei wurden sowohl methodische Neuentwicklungen als auch Anwendungen von maschinellen Lernverfahren in der Medizin veröffentlicht.

Die Ensemble Feature Selection (EFS) ist eine neue Methode zur Feature Selection, welche die Biases von verschiedenen Feature Selection Ansätzen durch Kombination eliminiert und eine Quantifizierung der Wichtigkeit von Features berechnet [3].

Ein weiterer Schwerpunkt war die Entwicklung von Modellen für die Diagnostik. Dabei wurde insbesondere auf die HIV Resistenz Vorhersage eingegangen [4-7]. So haben wir Ansätze aus dem Bereich des multi-label learning erfolgreich für die Vorhersage von Resistenzen gegen Protease- und Reverse Transkriptase-Inhibitoren eingesetzt [4], eine neue Webplattform zur HIV-Therapie entwickelt [5] und zudem das Problem der Subtyp-spezifischen Resistenzen aufgezeigt [6]. Ferner haben wir in einem Review-Artikel aktuelle computergestützte Ansätze zur Resistenzvorhersage verglichen [7].

Neben der HIV Diagnostik haben wir auch Modelle für andere Bereiche entwickelt, wie z.B. für die Vorhersage des Stenosis Durchmessers bei Herzinfarkten oder für die Diagnostik von Lebererkrankungen [9,10].

Literatur

[1] Grossmann L, Jensen M, Heider D, Jost S, Glücksman E, Hartikainen H, Mahamdallie SS, Gardner M, Hoffmann D, Bass D, Boenigk J: Protistan community analysis: key findings of a large-scale molecular sampling. *ISME J.* 2016, 10(9):2269-79.

[2] Schmid J, Heider D, Wendel NJ, Sperl N, Sieber V: Bacterial Glycosyltransferases: Challenges and opportunities of a highly diverse enzyme class toward tailoring natural products. *Front. Microbiol.* 2016, 7:182.

[3] Neumann U, Riemenschneider M, Sowa J-P, Baars T, Kälsch J, Canbay A, Heider D: Compensation of feature selection biases accompanied with improved predictive performance for binary classification by using a novel ensemble feature selection approach. *BioData Mining* 2016, 9(1):36.

[4] Riemenschneider M, Senge R, Neumann U, Hüllermeier E, Heider D: Exploiting HIV-1 protease and reverse transcriptase cross-resistance information for improved drug resistance prediction by means of multi-label classification. *BioData Mining* 2016, 9:10.

[5] Riemenschneider M, Hummel T, Heider D: SHIVA - a web application for drug resistance and tropism testing in HIV. *BMC Bioinformatics* 2016, 17:314.

- [6] Riemenschneider M, Cashin KY, Budeus B, Sierra S, Shirvani-Dastgerdi E, Bayanolhag S, Kaiser R, Gorry PR, Heider D: Genotypic Prediction of Co-receptor Tropism of HIV-1 Subtypes A and C. *Nature Scientific Reports* 2016, 6:24883.
- [7] Riemenschneider M, Heider D: Current Approaches in Computational Drug Resistance Prediction in HIV. *Current HIV Research* 2016, 14(4):307-315.
- [8] Baars T, Neumann U, Jinawy M, Hendricks S, Sowa JP, Kälsch J, Riemenschneider M, Gerken G, Erbel R, Heider D, Canbay A: In Acute Myocardial Infarction Liver Parameters Are Associated With Stenosis Diameter. *Medicine* 2016, 95(6):e2807.
- [9] Canbay A, Leven A-S, Fingas C, Heider D: Non-alcoholic fatty liver disease (NAFLD): can simple laboratory diagnostics assess progression of NAFLD? *LaboratoriumsMedizin* 2016, 40(6):367-372.
- [10] Best J, Bilgi H, Heider D, Schotten C, Manka P, Bedreli S, Gorry M, Ertle J, van Grunsven LA, Dechêne A: The GALAD scoring algorithm based on AFP, AFP-L3, and DCP significantly improves detection of BCLC early stage hepatocellular carcinoma. *Zeitschrift für Gastroenterologie* 2016, 54(12):1296-1305.

Prof. Dr. Dominik Heider dominik.heider@uni-marburg.de
Stand: 12.12.2017