



# Globale Zeitreihen der genetischen Plastizität von HIV

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

## Zusammenfassung

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. HIV ist eine der größten Pandemien, sowohl geographisch als auch zeitlich, der Menschheit. Die epidemiologische Untersuchung von Epidemien und Pandemien hat eine große Bedeutung für die Krankenversorgung um z.B. Risikogebiete zu identifizieren oder Infektionsketten aufzudecken.

Die 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. Leider sind diese Modelle nicht für alle Subtypen geeignet, so dass der Subtyp ebenfalls bestimmt werden muss.

Ziel der Arbeit ist es einen Datensatz von mehreren 1000 HIV Genomen sowohl geographisch, zeitlich als auch genetisch zu untersuchen und mit Hilfe von Netzwerk- und bioinformatischen Algorithmen globale räumliche, zeitliche und genetische Muster herauszufiltern und die entwickelten Methoden in Form eines Webservers zu implementieren.

## Literatur

[1] Dybowski JN, Riemenschneider M, Hauke S, Pyka M, Verheyen J, Hoffmann D, Heider D: Improved Bevirimat resistance prediction by combination of structural and sequence-based classifiers. *BioData Mining* 2011, 4:26.

[2] 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. *Scientific Reports* 2016, 6:24883.

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

[4] Hauke S, Pyka M, Borschbach M, Heider D: Reputation-Based Trust Diffusion in Complex Socio-Economic Networks, *Information Retrieval and Mining in Distributed Environments, Studies in Computational Intelligence* 2010, Springer-Verlag, ISBN 978-3-642-16088-2, 21-40.