

# Vorhersage der Wirksamkeit von antimikrobiellen Peptiden mit maschinellen Lernverfahren

Prof. Dr. Dominik Heider  
[dominik.heider@uni-marburg.de](mailto:dominik.heider@uni-marburg.de)

## Summary

Multiresistente Keime stellen eine große Bedrohung für die Gesundheit dar. Durch den verstärkten Einsatz von Antibiotika, z.B. durch den unnötigen Einsatz bei viralen Infektionen, unzuverlässige Medikamenteneinnahme durch den Patienten, aber auch durch den massiven Einsatz in der Landwirtschaft, breiten sich Resistenzen immer weiter aus.

Weltweit sterben nach Angaben der WHO ca. 700.000 Menschen jährlich an den Folgen von Antibiotikaresistenz. In Deutschland sind es ca. 6.000 Menschen. Die Entwicklung neuer Antibiotika stagniert in den letzten Jahrzehnten, jedoch konnten erste Erfolge mit antimikrobiellen Peptiden (AMPs) erzielt werden. AMPs sind kurze Peptide, d.h. sie bestehen nur aus wenigen Aminosäuren und liegen dabei sowohl in linearer als auch zirkulärer Form vor.

In diesem Projekt soll mit Hilfe von maschinellen Lernverfahren, wie z.B. deep learning oder statistischen Lernverfahren, und multi-objektive Optimierungsverfahren, wie z.B. genetischen Algorithmen, Modelle entwickelt werden, welche zur Generierung von neuen AMPs genutzt werden können. Diese Modelle sollen dann in ein graphisches Framework eingebunden werden, welches es ermöglicht zum einen die Wirksamkeit eines vom Benutzer definierten AMPs vorherzusagen, als auch Optimierungen an den Peptiden durchführen kann.

## References

- [1] Heider D, Appelman J, Bayro T, Dreckmann W, Held A, Winkler J, Barnekow A, Borschbach M: A computational approach for the identification of small GTPases based on preprocessed amino acid sequences. *Technol Cancer Res Treat.* 2009, 8(5):333-41.
- [2] 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.
- [3] 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.

Bitte melden Sie sich bei Interesse per Email bei:  
Prof. Dr. Dominik Heider - [dominik.heider@uni-marburg.de](mailto:dominik.heider@uni-marburg.de)  
Stand: 26.09.2017