

Deep Learning hilft, Gentherapien und antivirale Medikamente zu verbessern

Die mit der Genschere CRISPR assoziierte Nuklease Cas13b – ein Enzym, dass Nukleinsäuren abbaut – hat das Potenzial, künftig bei Erbkrankheiten eingesetzt zu werden, um unerwünschte Gene auszuschalten. Im Kampf gegen Infektionen wird diese Nuklease zudem als antivirales Mittel erforscht, da Cas13b gezielt in das Erbgut von Viren eingreifen und diese unschädlich machen kann.

Trotz dieser vielversprechenden Eigenschaften sucht ein internationales Forschendenteam unter Federführung des Würzburger Helmholtz-Instituts in Kooperation mit der Universität Freiburg und der King Fahd Universität/Saudi-Arabien nach Nukleasehemmern, die diese Effekte regulieren oder unterbinden können. Der Grund: Sie wollen die Sicherheit und Wirksamkeit künftiger Therapien erhöhen und dazu beitragen, unerwünschte Nebeneffekte zu unterbinden.

Um natürliche Nukleasehemmer zu finden, hat Prof. Dr. Rolf Backofen vom Institut für Informatik an der Universität Freiburg mit seinem Team nun erstmals Deep Learning genutzt, um ein Protein zu identifizieren, das die Aktivität von Cas13b blockt. Deep Learning ist ein Teilbereich des Maschinellen Lernens und untersucht große Datenmengen nach Mustern und Trends. Ihre Ergebnisse stellen die Wissenschaftler*innen in der Zeitschrift Molecular Cell vor.

Auf der Suche nach Acrs: Erstmals Deep Learning angewandt

Wissenschaftler/-innen vermuten, dass viele unentdeckte Proteine, so genannte Anti-CRISPR-Proteine (Acrs), existieren, die Nukleasen blockieren. Allerdings sind diese schwer zu finden. „Sie zu identifizieren heißt, eine Stecknadel im Heuhaufen zu finden, da Acrs einander überhaupt nicht ähneln“, sagt Prof. Dr. Chase Beisel, der in Kooperation mit Backofen federführender Wissenschaftler der Studie ist und die Leitung der Abteilung „Synthetische RNA-Biologie“ am Helmholtz-Institut für RNA-basierte Infektionsforschung in Würzburg innehat.

Deshalb haben die Forschungsteammitglieder den Einsatz künstlicher Intelligenz vorangetrieben, um neue Acrs auszumachen. „Mit der Kombination aus unserem Deep Learning-Verfahren ‚DeepAcr‘ und dem Einsatz eines Hochdurchsatz-Screens ist es gelungen, das neue Anti-CRISPR-Protein zu entdecken“, sagt Backofen. „Die Millionen von Vorhersagen, die unser Algorithmus macht, helfen aber nicht nur, Anti-CRISPR Proteine zu finden. Der entwickelte Algorithmus zeigt, wie neuronale Netze auch bei komplexen Fragestellungen effektive Lösungsmöglichkeiten eröffnen.“

Publikation

Wandera, K.G., Alkhnbashi, O.S., Bassett, H.V.I., Mitrofanov, A., Hauns, S., Migur, A., Backofen *, R., Beisel *, C.L. (2022): Anti-CRISPR prediction using deep learning reveals an inhibitor of Cas13b nucleases. In: Molecular Cell. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.molcel.2022.05.003> *:corresponding authors

Pressemitteilung

03.06.2022

Quelle: Albert-Ludwigs-Universität Freiburg

Weitere Informationen

Prof. Dr. Rolf Backofen
Institut für Informatik
Tel.: +49 (0) 761 203 7461
E-Mail: [backofen\(at\)informatik.uni-freiburg.de](mailto:backofen(at)informatik.uni-freiburg.de)

