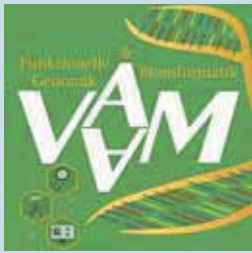


VAAM-Fachgruppe Funktionelle Genomik und Bioinformatik Machine learning, KI, synthetische Mikroorganismen



■ Bei der erstmals seit 2020 wieder in Präsenz stattfindenden VAAM-Jahrestagung in Göttingen veranstaltete die Fachgruppe Funktionelle Genomik und Bioinformatik ein Mini-Symposium. Acht Forscher:innen stellen in Kurzvorträgen ihre aktuellen Arbeiten vor, wobei das Themenspektrum von Anwendungen von *machine learning* und Künstlicher Intelligenz (KI) bis zur Erstellung von synthetischen Mikroorganismen reichte: Erik Zschaubitz (Rostock) präsentierte Arbeiten zur vergleichenden Analyse von Methoden im Rahmen von *machine learning* zur Auswertung von mikrobiellen Amplicon-Datensätzen. KI-Anwendungen waren Thema in den Vorträgen von Julia Koblitz (Braunschweig), die eine Methode zur Vorhersage

von Kultivierungsmedien für Mikroorganismen basierend auf sequenzierten Genomen und der MediaDive-Datenbank des DSMZ vorstellte, und Sagarika Chakraborty (Karlsruhe), die über die Nutzung von KI zur Vorhersage der Funktion von hypothetischen Proteinen in *Escherichia coli* sprach.

Im Vortrag von Andreas Nakielski (Aachen/Düsseldorf) ging es um ein Projekt zur kinetischen Modellierung von Stoffwechselprozessen im Cyanobakterium *Synechocystis* mit dem Ziel der Optimierung der Produktion von Terpenoiden. Zwei weitere Vorträge beschäftigten sich mit der Analyse von organismischen Interaktionen. Dazu stellte Georgios Marinos (Kiel) metabolisches Modelling für bakterielle Gemeinschaften zur Vorhersage von wachstumsfördernden Komponenten vor, während Maurice Mager (Düsseldorf) ein Projekt zur Nutzung von *Escherichia coli* und *Vibrio natriegens* als Modellsystem

zur Analyse bakterieller Interaktionen präsentierte.

In einem Vortrag zum bakteriellen Epigenomics zeigte Christine Josenhans (München) Daten zur Analyse von DNA-Methylierungen und der Funktion von Methyltransferasen im Genom von *Helicobacter pylori*. Daniel Schindler (Marburg) präsentierte Methoden im Rahmen des synthetischen Hefe-Projekts (Sc2.0), mit denen Bibliotheken von synthetischen Hefestämmen zur Analyse unterschiedlicher Fragestellungen im Hochdurchsatzverfahren hergestellt werden können.

Das Mini-Symposium war gut besucht und die mehr als 100 Teilnehmer:innen sorgten für eine lebhaft Diskussions nach den Vorträgen. ■

Anne Busch,
Anne.Busch@med.uni-jena.de

Minou Nowrousian,
minou.nowrousian@rub.de



Vortragende beim Mini-Symposium der Fachgruppe Funktionelle Genomik und Bioinformatik, v. l. n. r.: Georgios Marinos, Erik Zschaubitz, Julia Koblitz, Andreas Nakielski, Sagarika Chakraborty, Maurice Mager, Christine Josenhans, Daniel Schindler



Minou Nowrousian arbeitet am Lehrstuhl für Molekulare und Zelluläre Botanik der Universität Bochum. Ihre Forschungsgebiete sind Evolution und Entwicklung von Pilzen. Methodische Schwerpunkte sind dabei die Kombination von Genomics, Transcriptomics, Molekularbiologie und klassischer Genetik.



Anne Busch arbeitet am Lehrstuhl für Theoretische mikrobielle Ökologie der und an der Klinik für Anästhesiologie und Intensivmedizin der Universität Jena. Ihre Forschungsgebiete sind funktionelle Genomik und pathogene Bakterien in Zusammenhang von Sepsis, Mikrobiomen und Antibiotika-Resistenz. Methodische Schwerpunkte sind dabei die Kombination von Sequenzierungstechniken, Bioinformatik und Mikrobiologie.