

## **Gemeinsame Pressemitteilung**

*Zur sofortigen Veröffentlichung*

### ***Forschungskonsortium startet GENImmune-Projekt für neue Methoden zur Entwicklung von Impfstoffen für eine effiziente Immunisierung gegen SARS-CoV-2***

**Planegg/München, Deutschland, 22. Februar 2022** – Biomax Informatics, PEPperPRINT und PMCR gaben heute den Start eines gemeinsamen Forschungsprojekts mit Partnern von der Universität Bonn, dem Helmholtz Munich und der Technischen Universität München bekannt.

Unter dem Namen GENImmune wird das Konsortium neue Methoden zum Design von Impfstoffen entwickeln, die für eine effiziente Immunisierung gegen SARS-CoV-2 eingesetzt werden. Das Projekt wird vom Bundesministerium für Bildung und Forschung gefördert und von Biomax Informatics koordiniert.

Die erste Welle von SARS-CoV-2-Impfstoffprojekten konzentrierte sich auf das offensichtlichste Oberflächenantigen und ignorierte dabei die Anfälligkeit gegen Immunumgehung durch die Evolution neuer Virusvarianten. Gleichzeitig wurde ein detailliertes Verständnis des gesamten Lebenszyklus des Virus geschaffen, das nun für ein rationales Impfstoffdesign mit dem Ziel der Entwicklung eines breit wirksamen Pan-Coronavirus-Impfstoffs genutzt werden kann.

GENImmune beabsichtigt, neue, auf künstlicher Intelligenz (KI) basierende Ansätze wie maschinelles Lernen und natürliche Sprachverarbeitung einzusetzen. Darüber hinaus sollen Computermodelle für ein effizientes Verständnis der Wechselwirkungen zwischen Krankheitserregern wie Viren und dem menschlichen Immunsystem geschaffen werden, die die Entwicklung von Arbeitsabläufen für ein rationales Impfstoffdesign und die Identifizierung von Zielstrukturen ermöglichen.

Die Projektpartner haben langjährige Erfahrung in der Impfstoffentwicklung und der Anwendung von Computermethoden für rationales Design. Die Partner sind bereits an Immunisierungsprojekten für Hepatitis B, Norovirus und Krebsimpfungen sowie an der klinischen COVID-19-Analyse beteiligt und tragen zur COVID-19 Disease Map Collaboration

bei, einer internationalen Initiative von 130 Institutionen, die eine detaillierte, computerlesbare molekulare und zelluläre Karte der Wirt-Pathogen-Interaktionen für SARS-CoV-2 erstellt.

GENImmune wird KI- und Text-Mining-Methoden entwickeln, um schnell ähnliche Krankheitskarten für jede Infektion zu erstellen und zu verfeinern. Mit diesen Methoden wird auch die COVID-19 Disease Map verfeinert, wobei die wachsende Menge an relevanter Literatur einbezogen wird. Neue Methoden zur Entwicklung von prädiktiven Computermodellen aus derartigen Krankheitskarten müssen entwickelt werden, um die Ergebnisse dieser globalen Initiative optimal zu nutzen.

"Computergestützte Modelle für die Interaktion zwischen Wirt und Erreger, die aus Krankheitskarten und der kausalen Verknüpfung der Impfstoffzusammensetzung mit B- und T-Zell-Reaktionen abgeleitet werden, ermöglichen eine vereinfachte Entwicklung neuer Impfstoffe, die breit wirksam und robust gegen neuartige Varianten sind", erklärte Dr. Dieter Maier, Director Project Management bei Biomax und Projektleiter von GENImmune.

"Neue Methoden des maschinellen Lernens und der Bioinformatik werden die iterative Optimierung der Epitopauswahl, der spezifischen Aminosäuresequenzen und der Adjuvantien unterstützen, um ausgewogene B-/T-Zellantworten auszulösen und die Robustheit gegenüber neu auftretenden SARS-CoV-2-Varianten zu gewährleisten", fügte Dr. Wolfgang Schönharting, CEO von PMCR, hinzu.

"Darüber hinaus werden KI-Datenanalysemethoden entwickelt, um die Ergebnisse neuer biotechnologischer Plattformen, die für die Immunologie relevant sind, zu interpretieren, z. B. die hochauflösende, konformationsspezifische Charakterisierung von Antikörperantworten auf Epitopebene in Kombination mit funktionellen Assays zur präzisen Messung von zellulären Immunantworten", beschrieb Dr. Volker Stadler, CEO von PEPperPRINT.

GENImmune startete am 1. Januar 2022 und ist auf eine Laufzeit von zwei Jahren ausgelegt.

*Ende der Pressemitteilung*

## Zur weiteren Information

### Die Partner des Konsortiums

- **Biomax Informatics AG**, koordiniert das Projekt und wird Text-Mining-Tools einsetzen, um die COVID-19 Disease Map zu optimieren.
- Prof. Hasenauer, **Universität Bonn**, wird Computermodelle anwenden, um sinnvolle Ziele für die Impfstoffentwicklung vorherzusagen.
- Prof. Frishman, **Technische Universität München**, wird Methoden des maschinellen Lernens zur Vorhersage von Impfstoff-Epitopen entwickeln.
- **PCMR GmbH** wird Methoden des maschinellen Lernens zur Vorhersage der klinischen Wirkung verschiedener Kombinationen von Epitopen und Adjuvantien entwickeln.
- **PEPperPRINT GmbH** wird ein SARS-CoV-2 spezifisches Peptid-Microarray zur Analyse von impfstoffinduzierten Antikörpern entwickeln.
- Prof. Protzer, **Helmholtz Munich**, wird die Methoden anwenden, um die Robustheit der SARS-CoV-2-Immunisierung gegen mehrere Escape-Varianten in präklinischen Studien zu validieren.

### Über Biomax Informatics

Biomax Informatics bietet Softwarelösungen für eine bessere Entscheidungsfindung und ein optimales Wissensmanagement in der Life-Science-Branche. Mit Hilfe der Software sind die Kunden in der Lage, durch die Integration von Informationen aus firmeneigenen und öffentlichen Ressourcen einen Mehrwert zu schaffen, um einen wissensbasierten Ansatz für die Entwicklung innovativer Life-Science-Produkte zu erreichen. Zu den weltweiten Kunden von Biomax gehören Krankenhäuser, Unternehmen und Forschungseinrichtungen. Das 1997 gegründete Unternehmen beschäftigt derzeit 45 Mitarbeiter und hat seinen Hauptsitz in Planegg bei München. Weitere Informationen finden Sie unter [www.biomax.com](http://www.biomax.com).

### Ihr Kontakt bei Biomax Informatics:

#### Presse:

Bettina von Klitzing-Stückle  
Marketing Manager  
[Bettina.klitzing-stueckle@biomax.com](mailto:Bettina.klitzing-stueckle@biomax.com)

#### Projektleiter:

Dr. Dieter Maier  
Director Project Management  
[dieter.maier@biomax.com](mailto:dieter.maier@biomax.com)

SPONSORED BY THE

