

## **Tutorium Praktische Datenanalyse für Microarrays**

### **Praktische Datenanalyse für Microarrays**

Jörg Rahnenführer<sup>1</sup>, Rainer Spang<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Bioinformatik und Angewandte Algorithmik, Max-Planck-Institut für Informatik, Saarbrücken

<sup>2</sup> Computational Diagnostics Group, Max-Planck-Institut für Molekulare Genetik, Berlin

#### **Einführung:**

Das Tutorium bietet eine Übersicht über die wichtigsten Schritte bei der statistischen und praktischen Analyse von Microarray-Daten. Im Vordergrund stehen statistische Methoden, es wird aber besonderer Wert auf eine biologisch korrekte Interpretation der Resultate gelegt. Im ersten Teil des Tutoriums werden klassische Lernverfahren zur Klassifikation von Genen und zur Diagnose von Patienten anhand von Expressionsdaten vorgestellt. Methodische Schwerpunkte sind dabei Algorithmen der Clusteranalyse und der Diskriminanzanalyse. Im zweiten Teil des Tutoriums werden moderne Verfahren behandelt, die eine bessere biologische Interpretation von Genexpressionsdaten erlauben. Dabei werden zuerst Testverfahren für die Analyse von Gengruppen vorgestellt, die in einem vorgegebenen funktionalen Kontext stehen, wie z.B. metabolische Pfade oder Gene Ontology-Gruppen. Mit solchen Verfahren ist eine biologische Charakterisierung einer Liste von differentiell exprimierten Genen möglich. Abschließend werden Möglichkeiten und Grenzen beim Schätzen zellulärer Netzwerke aus Genexpressionsdaten erläutert.

#### **Zielsetzung:**

Die Teilnehmer lernen klassische und moderne statistische Konzepte zur praktischen Analyse von Genexpressionsdaten kennen. Insbesondere werden dabei praktische Faustregeln aufgestellt und typische Fallstricke bei der biologischen Interpretation der statistischen Resultate erläutert.

#### **Zielgruppe:**

Das Tutorium wendet sich gleichermaßen an Statistiker, Bioinformatiker, Biologen, und Mediziner, die an der Auswertung von Microarray-Daten mit modernen Analyseverfahren interessiert sind.

#### **Voraussetzungen:**

Notwendige Voraussetzungen sind grundlegende Kenntnisse in Statistik und in der Erhebung von Genexpressionsdaten mit Microarrays.

#### **Termin**

Dienstag, 12.09.06 12:30-16:00 Uhr



[www.gmds2006.de](http://www.gmds2006.de)

Telefon: +49 (0) 341-9 71 62 83 Fax: +49 (0) 341-9 71 62 99 E-mail: [information@gmds2006.de](mailto:information@gmds2006.de)

Bankverbindung: Deutsche Apotheker- und Ärztebank e.G. Köln BLZ: 370 606 15 KTO: 030 160 18 22

IBAN : DE35 3006 0601 0301 6018 22 BIC (Swift Code) : DAAEDED

**Programm:**

1. Explorative Datenanalyse (Jörg Rahnenführer , ca. 45 min)
2. Molekulare Diagnose (Rainer Spang, ca. 45 min)  
Pause (ca. 15 min)
3. Gengruppen-Tests (Jörg Rahnenführer, ca. 45 min)
4. Zelluläre Netzwerke (Rainer Spang, ca. 45 min)

**Weitere Leistungen:**

Pausengetränke und Unterlagen.

**Referent(en):**

Dr. Jörg Rahnenführer ist Gruppenleiter für Expressionsanalysen und statistische Methoden in der Bioinformatik am Max-Planck-Institut für Informatik in Saarbrücken. Er hat Mathematik studiert, in Mathematischer Statistik promoviert und habilitiert sich derzeit in der Bioinformatik über das Thema „Statistische Methoden für die biologische Interpretation von genomweiten Messungen“. Seine Hauptforschungsinteresse neben der Methodenentwicklung zur Auswertung von Expressionsdaten ist die Statistische Analyse von genomischen Daten für die Diagnose und Therapie von Krebs und AIDS.

Dr. Rainer Spang leitet die Gruppe „Computational Diagnostics“ am Max-Planck-Institut für Molekulare Genetik in Berlin. Er hat Mathematik studiert und in Biologie promoviert. Er hat langjährige Erfahrung in der statistischen Analyse von Expressionsdaten, mit einem Schwerpunkt auf bösartigen Tumoren von B- und T-Zellen, und koordiniert die bioinformatischen Aktivitäten im Verbundprojekt Maligne Lymphome, gefördert von der Deutschen Krebshilfe. Seine methodischen Interessen umfassen das Reverse Engineering von komplexen biologischen Systemen, die Analyse von RNAi-Daten und die Krebsdiagnose anhand von molekularen Profilen.

Beide Referenten beschäftigen sich seit vielen Jahren in mehrjährigen Forschungsaufenthalten in den USA und in Deutschland mit bioinformatischen und statistischen Aspekten der Analyse von Microarray-Daten und sind tragende Mitglieder der „Microarray Data Analysis Resource“ des Nationalen Genomforschungsnetzwerks (NGFN), siehe <http://compdiag.molgen.mpg.de/ngfn/>, die viermal im Jahr einen einwöchigen Kurs über Design und Analyse von Microarrays anbietet.

**Teilnehmerzahl:**

Das Tutorium findet statt, wenn sich mindestens 10 Teilnehmer anmelden. Die maximale Teilnehmerzahl beträgt 50. Haben sich bis zum 30. August 2006 weniger als 10 Teilnehmer angemeldet, wird das Tutorium abgesagt und bereits bezahlte Gebühren zu 100% erstattet.

**Anmeldung:**

Die Anmeldung erfolgt im Rahmen der GMDS-Jahrestagung 2006 online über die Tagungswebseiten: <http://registry.gmds-online.de>. Beachten Sie bitte, dass für den Besuch eines Tutoriums auch eine gültige Tagungskarte erforderlich ist. Sie können Tagungskarten und Tutorien unabhängig voneinander online buchen. Für die Tutorien gelten die Allgemeinen Geschäftsbedingungen (AGB) der Tagung.