

Statistische Methoden in der Genetik und Chemometrie

Prof. Dr. Jörg Rahnenführer, Raum 720

Email: rahenfuehrer@statistik.tu-dortmund.de

Vorlesungen / lectures

- [Klinische Studien](#) (SoSe 2023, Mo14-16, Do14-16)
- [Statistical methods in genetics \(bioinformatics\)](#) (SoSe 2023, Tu 12-14 / Fr 10-12)
- [Statistics in toxicology I + II](#) (WiSe 2023/24)

Klinische Studien

- Kontrollierte und randomisierte klinische Studien
- Analyse von Überlebenszeiten
- Äquivalenzstudien
- Metaanalysen, Publikationsbias
- Fallzahlplanung, Randomisierung, Verblindung
- Zwischenauswertungen
- Cross-Over Studien, Diagnosestudien, Prognosestudien
- Datenmanagement, Qualitätsanforderungen

Klinische Studien

- Beispiel: Studie von 1996 zu Schilddrüsen- und Herzerkrankungen
- Überlebensstatus aller Teilnehmer 20 Jahre nach erster Untersuchung und Rauchgewohnheiten
- **Insgesamt: Rauchen günstig!?**

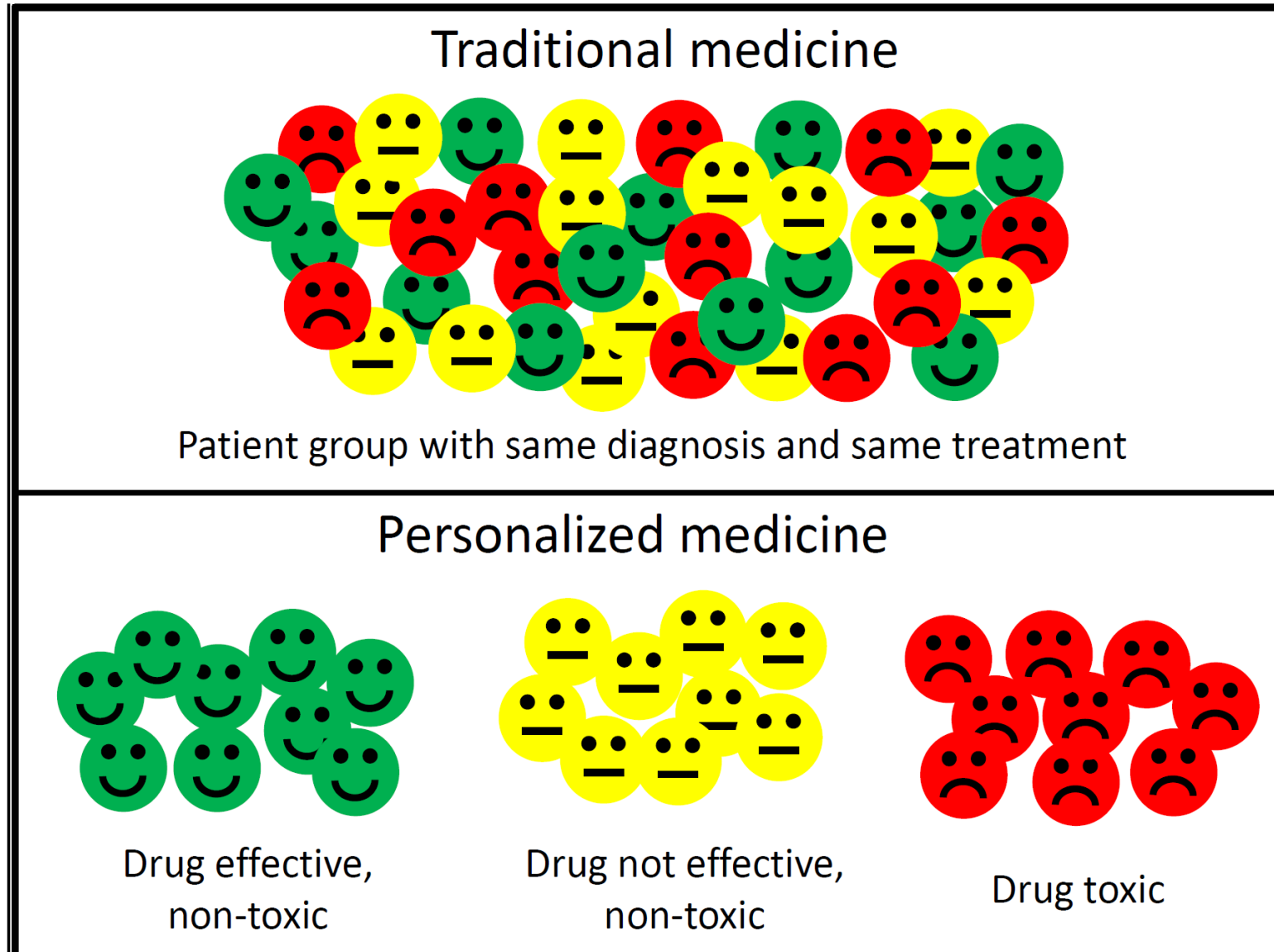
	Rauchen	gestorben	Überlebt	Gesamt
alle Frauen	ja	139 (24%)	443	582 (44%)
	nein	230 (31%)	502	732 (56%)
		369 (28%)	945	1314 (100%)
		Relatives Risiko: 0.76 [0.64 - 0.91]		

Klinische Studien

- **Insgesamt:
Rauchen
günstig!?**
- **Statistik hilft:
Stratifizierung**
- **In jeder
Altersklasse:
Rauchen
ungünstig!**

		Relatives Risiko: 0.76 [0.64 - 0.91]		
Alter unter 45	ja	19 (7%)	269	288 (46%)
	nein	13 (4%)	327	340 (54%)
		32 (5%)	596	628 (100%)
		Relatives Risiko: 1.73 [0.88 - 3.40]		
Alter 45 – 54	ja	27 (21%)	103	130 (62%)
	nein	12 (15%)	66	78 (38%)
		39 (19%)	169	208 (100%)
		Relatives Risiko: 1.35 [0.73 - 2.49]		
Alter 55 – 64	ja	51 (44%)	64	115 (49%)
	nein	40 (33%)	81	121 (51%)
		91 (39%)	145	236 (100%)
		Relatives Risiko: 1.34 [0.97 - 1.86]		
Alter über 65	ja	42 (86%)	7	49 (20%)
	nein	165 (85%)	28	193 (80%)
		207 (86%)	35	242 (100%)
		Relatives Risiko: 1.00 [0.88 - 1.14]		

Statistical methods in Genetics (Bioinformatics)



Traditional medicine

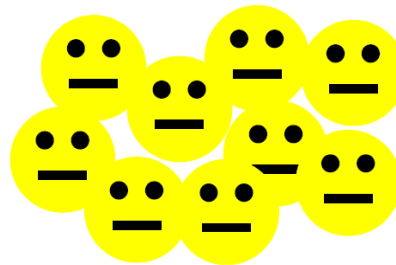


Patient group with same diagnosis and same treatment

Personalized medicine



Drug effective,
non-toxic



Drug not effective,
non-toxic



Drug toxic

Genetics (Bioinformatics): Topics

- **Sequence analysis**
 - Sequence modeling: Markov chains and Markov processes
 - Sequence alignments, phylogeny
- **Analysis of omics data (expression data)**
 - Preprocessing, normalization
 - Classification (cluster analysis, discriminant analysis, ...)
 - Finding "active" genes, variable selection
 - Biological interpretation (combination of different data types, networks, toxicology...)
 - Time series
- **Disease progression**
- **Proteomics**