

Organisatorisches

Ort

Die Veranstaltung findet in Räumen der Universität Heidelberg statt. Eine genaue Ortsbeschreibung geht Ihnen mit der Anmeldebestätigung zu.

Auf Anfrage schicken wir Ihnen gerne eine Liste mit Unterkunftsmöglichkeiten in Heidelberg.

Anmeldung

Schriftliche Anmeldungen erbitten wir bis zum 22. März 2018.

Teilnahmeentgelt

Das Teilnahmeentgelt beträgt € 645,- bzw. € 430,- (ermäßigter Tarif für universitäre Einrichtungen und deren Aninstitute sowie Gesundheitsbehörden; bitte zweite Seite des Anmeldeformulars ausfüllen).

Absagen

Bei Absagen nach dem 29. März 2018 werden 25% des Teilnahmeentgelts berechnet; bei Absagen nach dem 05. April 2018 kann das Teilnahmeentgelt nicht mehr erstattet werden. Das Benennen eines Ersatzteilnehmers ist möglich.

Öffentliche Verkehrsmittel

Das Institut für Medizinische Biometrie ist sehr gut an öffentliche Verkehrsmittel angebunden. Das IMBI befindet sich unmittelbar an der Haltestelle Campus der Buslinie 32.

Hinweise zum Liniennetz, Tarife und Abfahrtszeiten finden Sie unter www.vrn.de



Informationen

www.biometrie.uni-heidelberg.de/master

Konzept und Ausbildungsinhalte

Universität Heidelberg
Institut für Medizinische Biometrie und Informatik
Abteilung Medizinische Biometrie
Marsilius-Arkaden, Turm West
Im Neuenheimer Feld 130.3
69120 Heidelberg

Kontakt

Dr. Marietta Kirchner
Tel.: 06221/56-7784, Fax: 06221/56-4195
master@imbi.uni-heidelberg.de

Organisation

Andrea Wendel
Tel.: 06221/56-4141, Fax: 06221/56-4195
wendel@imbi.uni-heidelberg.de

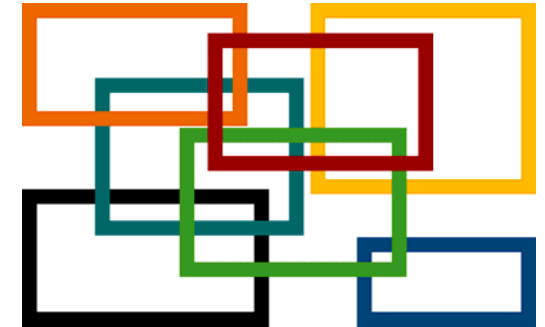


MEDIZINISCHE
FAKULTÄT
HEIDELBERG

Masterstudiengang

Medical Biometry/Biostatistics

Molekulare Medizin



12. – 14. April 2018

Kursziele und -inhalte

Der Blick in die Zelle verspricht ein besseres Verständnis von Krankheitsprozessen. Komplexe Messverfahren erzeugen hochdimensionale Daten, die ein Bild dieser Prozesse vermitteln. Hieraus versucht die Molekulare Medizin Schlüsse zu ziehen, um Patienten individueller und effektiver zu behandeln. Besonders in der Krebsforschung macht die Entwicklung von personalisierten Therapien basierend auf den molekularen Eigenschaften eines Tumors Fortschritte.

Der Kurs führt in die methodischen Grundlagen dieser Forschung ein, indem typische Fragestellungen vorgestellt werden, mit Fokus auf den besonderen Schwierigkeiten für die statistische Analyse der oft extrem hochdimensionalen Daten. Wir werden dabei Verbindungen zwischen medizinischer Fragestellung und neuen Entwicklungen in Biotechnologie, Bioinformatik und statistischer Methodik herstellen.

Voraussetzungen

Kenntnisse des Statistischen Schätzens und Testens und Grundkenntnisse auf den Gebieten der Regressions- und Überlebenszeitanalysen, Grundkenntnisse in molekularer Biologie, Kenntnisse der statistischen Software R.

Zeitplan

Donnerstag

- 9:00-10:30
Einleitung: Was ist Molekulare Medizin?

Paper: Dugger SA, et al. Drug Development in the era of precision medicine. *Nat Rev Drug Discov.* (2017). doi:10.1038/nrd.2017.226

- 11:00-12:30
R-Übung: Einführung in Bioconductor

Paper: Huber W, et al. Orchestrating high-throughput genomic analysis with Bioconductor. *Nature Methods* (2015). 12:115-121.

- 13:30-15:00
Biomarker-Screening – Multiples Testen & Gengruppenanalysen

Paper: Ritchie ME, et al. Limma powers differential expression analyses for RNA-sequencing and microarray studies. *Nucleic Acids Research* (2015). 43:e47.

- 15:30-17:00
R-Übung

Freitag

- 9:00-10:30
Identifikation von Subgruppen - Exploration hochdimensionaler Daten

Paper: Jiang D, Tang C, Zhang A. Cluster analysis for gene expression data: a survey. In: *IEEE Transactions on Knowledge and Data Engineering* (2004). 16:1370-1386.

- 11:00-12:30
R-Übung
- 13:30-15:00
Vorhersage des klinischen Phänotyps - Klassifikation & Prädiktion

Paper: Azuaje F. Computational models for predicting drug responses in cancer research. *Brief Bioinform.* (2017). 18:820-829.

- 15:30-17:00
R-Übung

Samstag

- 9:00-10:30
Personalisierte Krebstherapie (1): vom Studiendesign zur Therapiefindung mit Genomanalysen des Tumors

Paper: Renfro LA, Sargent DJ. Statistical controversies in clinical research: basket trials, umbrella trials, and other master protocols: a review and examples. *Annals of Oncology* (2017). 28:34-43.

- 11:00-12:30
Personalisierte Krebstherapie (2): Ansätze für Fallzahl N=1: Von ex vivo Screens zu in silico Modellierung

Paper: Geman D, et al. An argument for mechanism-based statistical inference in cancer. *Hum Genet.* (2015). 134:479-95.

- 13:00-14:00
Zusammenfassung und Fragen/ Vorstellung der Hausarbeit

Teilnehmerzahl

Die Teilnehmerzahl ist auf 25 beschränkt.

Kursmaterial

Für die Computerübungen bringen Sie bitte einen Laptop mit der Software R in einer aktuellen Version ($\geq 3.4.0$) und mit den Core-Paketen von Bioconductor in der aktuellsten Version (siehe <http://www.bioconductor.org/install/>) mit.

Dozenten

- Dipl.-Stat. Axel Benner
Dr. Manuela Hummel
Abt. Biostatistik, Deutsches Krebsforschungszentrum (DKFZ), Heidelberg
- Dr. Stephan Lücke
NCT Trial Center, Nationales Centrum für Tumorerkrankungen (NCT)/ DKFZ, Heidelberg
- Dr. Martin Sill
Hopp-Kindertumorzentrum am NCT und DKFZ, Heidelberg
- Assoc. Prof. Dr. Manuela Zucknick
Oslo Centre for Biostatistics and Epidemiology, University of Oslo, Norway

Literatur

- Hastie T, Tibshirani R, Friedman J (2009): The Elements of Statistical Learning, Springer, New York.
<http://www-stat.stanford.edu/~hastie/ElemStatLearn>
- James G, Witten D, Hastie T, Tibshirani R (2013): An Introduction to Statistical Learning – with Applications in R. Springer, New York.
<http://www-bcf.usc.edu/~gareth/ISL>
- Dupuy A, Simon RM. Critical review of published microarray studies for cancer outcome and guidelines on statistical analysis and reporting. *J Natl Cancer Inst.* (2007). 99:147-157.
- Gerstung M, et al. Combining Gene Mutation with Gene Expression Data Improves Outcome Prediction in Myelodysplastic Syndromes. *Nature Communications* (2015). 6:5901.