

# Abstracts

## **Cluster-Methoden für Microarray-Daten**

Prof. Dr. Hans-Hermann Bock

Im Zusammenhang mit Microarray-Daten (Expressionswerte für  $n$  Gene (Zeilen) und  $p$  Samples (Spalten)) werden in der Literatur zahlreiche Clusterverfahren vorgeschlagen bzw. angewandt. Der Vortrag gibt einen Überblick über solche Ansätze. Dabei werden einerseits Cluster von Genen konstruiert, oder auch von Samples, andererseits aber auch simultane Gruppierungen von Genen und Samples betrachtet ('Block-Cluster'). Viele der publizierten Anwendungen benutzen Clusterverfahren aus der klassischen Literatur, doch gibt es inzwischen auch einige Ansätze, die die spezifische Situation bei Microarray-Daten berücksichtigen.

## **Modeling Microarray Data using a Threshold Mixture Model**

Prof. Dr. Göran Kauermann

An important goal of microarray studies is the detection of genes that show significant changes in expression when two classes of biological samples are being compared. We present an ANOVA-style mixed model with parameters for array normalization, overall level of gene expression and change of expression between the classes. For the latter we assume a mixing distribution with a probability mass concentrated at zero, representing genes with no changes and a normal distribution representing the level of change for the other genes. We estimate the parameters by optimizing the marginal likelihood. To make this practical, Laplace approximations and a backfitting algorithm are used. The performance of the model is studied by simulation and by application to a publicly available data set.