

# **Moderne statistische Verfahren zur Analyse hochdimensionaler biomedizinischer Daten**

Stefan Winter

Dr. Margarete Fischer-Bosch - Institut für Klinische Pharmakologie  
Auerbachstrasse 112  
70376 Stuttgart  
stefan.winter@ikp-stuttgart.de

In den letzten beiden Jahrzehnten ist aufgrund neuartiger Analyseverfahren und der Etablierung großer Patientendatenbanken die Menge der verfügbaren Daten im Bereich der Biomedizin sowie die Anzahl und Komplexität der damit verbundenen Fragestellungen rapide gewachsen. Da in vielen Fällen klassische Verfahren zur Analyse und Interpretation dieser hochdimensionalen Daten nicht oder nur begrenzt anwendbar sind, wurden im Bereich der Bioinformatik, der Biostatistik und verwandten Gebieten eine Fülle neuer Ansätze entwickelt.

In diesem Beitrag werden verschiedene moderne Methoden aus diesem Bereich vorgestellt und miteinander verglichen. Hierbei soll beispielhaft auf unterschiedliche aktuell verwendete statistische Verfahren zur Analyse ganzgenomischer Daten, wie genome-wide association studies, linkage analysis und QTL-Analysen eingegangen werden. Neben Beispielen zur erfolg-reichen Anwendung dieser Methoden werden die Vor- und Nachteile sowie die Limitierung dieser Verfahren dargestellt und Anforderungen an zukünftige Ansätze diskutiert.