

<b>Seminar Biomathematik</b> <b>Analyse und Modellierung hochdimensionaler biomedizinischer und genomischer Daten</b>	
<b>Ansprechpartner</b>	Prof. Dr. Maik Kschischo
<b>Inhaltliche Beschreibung</b>	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Analyse von hochdimensionalen Daten in der medizinischen Genomforschung und Systembiologie (Sequencing, Copy Number, Expression Arrays, Metabolomics, RNAi screens, Methylation and Epigenomics)</li> <li>• Auffinden molekularer Biomarker für die Prognose und Vorhersage von Krankheitsverläufen und Medikamentenresistenzen</li> <li>• Modellierung metabolischer Netzwerke und Suche nach neuen Targets für Medikamente</li> <li>• Statistische Verfahren und Methoden zur Analyse hochdimensionaler Daten</li> </ul>
<b>Ablauf</b>	Genauere Themen und Termine werden nach Vorliegen der Teilnehmerliste (nach dem 31.08. 2011) in myStudy veröffentlicht