

**Katja Ickstadt (Technische Universität Dortmund) – 14. Februar 2012**

### **Nichtparametrische Bayesianische Modellierung in der Systembiologie**

Dieser Beitrag wird mit einer kurzen Einführung in die nichtparametrische Bayesianische Modellierung beginnen, in der unter anderem auch Verallgemeinerte Dirichlet-Prozess-Mischungsmodelle vorgestellt werden. Anschließend folgt eine detailliertere Modellierung und Analyse zweier systembiologischer Anwendungen.

Die erste Anwendung beschäftigt sich mit der räumlichen Modellierung von Ras-Proteinen auf der Zellmembran. Hierbei wird davon ausgegangen, dass räumliche Effekte, wie zum Beispiel die Clusterbildung der Proteine, die Signalübertragung beeinflussen. Eine Weiterentwicklung des Dirichlet-Prozess-Mischungsmodells wird dazu verwendet, die Clusterstrukturen zu analysieren.

Das hauptsächliche Ziel der zweiten Anwendung besteht darin, biologische Netzwerkstrukturen zu untersuchen und die Verbindungen zwischen verschiedenen Komponenten eines Netzwerks zu schätzen. Das konkrete Anwendungsbeispiel bilden Zellmatrix-adhäsionsstellen. Als Modellklasse werden hier üblicherweise Bayesianische Netzwerke eingesetzt, die allerdings starke parametrische Annahmen machen. Deshalb wird zur Analyse solcher Probleme eine nichtparametrische Verallgemeinerung Bayesianischer Netzwerke entwickelt, die der Analyse zugrunde liegt.

In beiden Beispielen werden jeweils alternative a priori Verteilungen vorgestellt. Zum einen werden Verallgemeinerungen des Dirichlet-a-priori-Prozesses, so wie der Pitman-Yor-Prozess, betrachtet, zum anderen wird biologisches Vorwissen in die nichtparametrische Modellierung integriert.