Wiener Biometrische Sektion der Internationalen Biometrischen Gesellschaft Region Österreich – Schweiz

http://www.akh-wien.ac.at/wbs/

Einladung zum

Biometrischen Kolloquium

am Montag, dem 20. Jänner 2003, 16:15 Uhr

im alten Hörsaal des Instituts für Krebsforschung*, Borschkeg. 8a, A-1090 Wien Tel. 4277 65182

Es spricht Frau Dr. Annette Kopp-Schneider vom Deutschen Krebsforschungszentrum in Heidelberg, Zentrale Einheit Biostatistik zum Thema:

Stochastische Modelle für die Hepatokarzinogenese

Wir bitten und hoffen um zahlreichen Besuch für diesen ersten Vortrag im Jahr 2003

Thomas Waldhör Präsident

Karl Moder Sekretär

^{*} Hörsaal im Altbau, Eingang Neubau, 2. Stockwerk, nach Glastür rechter Hand

Abstract:

Vor der Entstehung von Leberkarzinomen können herdförmige Tumorvorstufen in der Leber beobachtet werden, die im gefärbten Gewebeschnitt sichtbar gemacht und vermessen werden können. In der experimentellen Karzinogenese interessiert die Beurteilung der kanzerogenen Potenz von Chemikalien. Insbesondere ist es wichtig, Substanzen zu identifizieren, die die Zahl der Leberherde im Vergleich zu unbehandelten Kontrolltieren erhöhen (Initiatoren), sowie Substanzen, die zu einer Vergrößerung vorhandener Herde führen (Promotoren). Daher ist es notwendig, die Verteilung der Zahl und der Größe der Leberherde zu beurteilen. Eine Schwierigkeit bei der Auswertung von Leberherddaten liegt in der Tatsache, daß für die Entdeckung von Leberherden zweidimensionale Schnitte durch die dreidimensionale Leber angefertigt werden und aus den zweidimensionalen Daten Rückschlüsse über die Anzahl- und Größenverteilung von Leberherden gezogen werden müssen.

Es werden Konstellationen aufgezeigt, in denen die statistische Auswertung zweidimensionaler Leberschnittdaten zu irreführenden Schlußfolgerungen über die dreidimensionale Situation führt. Die modellbasierte Auswertung von Leberherddaten vermeidet die Schwierigkeiten, die aufgrund der stereologischen Probleme aus einer nicht-parametrischen Schätzung entstehen. Es werden mehrere für die Auswertung von Leberherddaten geeignete Modellansätze vorgestellt. An Beispielen wird dargestellt, wie diese Modelle zu Untersuchungen über die Wirkweise von Behandlungen und über die Mechanismen der Entstehung, der Typänderung und des Wachstums von Leberherden genutzt werden können.