**Data Anaysis Project – Fragen**

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
|  | **control** | **behandelt** |
| **GSE53454 Diabetes type 1** | 1. Gesund   (humane Islet cells) | 1. „simuliert“ Diabetes Typ 1   (exposed to IL-1β & INF-γ)  Mit zeitlicher Komponente |
| **GSE59761 PDAC Capan-1 Zellen** | 1. Pancreaskarzinom | 1. Pancreaskarzinom   mit Transductin-beta-like KO |

* Allgemein:
  + Datensatz reduzieren (houskeeping genes entfernen) -> nur mit TRA Daten arbeiten?
  + Kriterien für Signifikanz aufstellen
* 1:2

wie in *“Temoral profiling of cytocine-induced genes in pancreatic β-cells by meta analysis and network interference”*

* + Unterschiede zw. Control und behandelter Gruppe
  + Welche Gene wurden hoch-/runterreguliert
  + Ist der Unterschied signifikant (T-Test)
  + Gibt es Pathways? Durch clustering Gruppenstrukturen erkennen oder Genset enrichment analysis
  + Ist der „Angriffspunkt“ von zugelassenen Medikamenten in Expression auffällig
* 3:4

wie in *“Transcriptional co-factor Transductin beta-like 1 acts as checkpoint in pancreatic cancer malignancy”*

* + Unterschiede zw. Control und behandelter Gruppe
  + Welche Gene wurden hoch-/runterreguliert
  + Ist der Unterschied signifikant (T-Test)
  + Gibt es Pathways? Durch clustering Gruppenstrukturen erkennen oder Genset enrichment analysis
  + Ist der „Angriffspunkt“ von zugelassenen Medikamenten in Expression auffällig
* 1:3

Wie in “Pancreatic cancer” Kleeff

* Unterschiede (insbesondere in TRA expression)
* Welche Gene wurden hoch-/runterreguliert
* Ist der Unterschied signifikant (T-Test)
* 2:3
  + Unterschiede der hoch-/runterregulierten Gene
  + An Genexpression erkennbar, ob es sich „nur“ um Diabetes Typ 1 oder um Symptom für malignes Pancreaskarzinom handelt?