

**Fragen zu Daten**

König, Matthias

Gesendet: Freitag, 3. Juli 2015 08:45

An: Kerstin Abshagen' [kerstin.abshagen@uni-rostock.de]

Cc: hergo@charite.de

Anlagen: Signaturesofcholestaticiv~1.pdf (128 KB)

Hallo Kerstin,

ich habe einen ersten Blick auf die Daten &amp; Dropbox geworfen. Hierzu einige Fragen:

[1] Daten zu Tabelle 1

Wo finde ich die Originaldaten zu Tabelle 1? D.h. die individuellen Messdaten für die 5 Mäuse und alle Zeitpunkte. Hierzu konnte ich keine Datei in der Dropbox finden.

Gibt es einen Grund warum die Daten aus dem Blutbild nicht als Faktoren für die Analyse verwendet wurden? Oder habe ich das übersehen?

[2] Wo ist das vollständige sample Mapping für die IHC Daten, d.h. Zuordnung zwischen IHC (quantification-sma-ctgf-s100a4-041211) und Rohdaten\_figures?

Die Datei Samples from Rostock-171210 gibt 2 Mäuse an, in quantification-sma-ctgf-s100a4-041211 sind jeweils 3 Mäuse für jeden Zeitpunkt gemessen worden. Ohne die Zuordnung kann ich die Daten nicht zusammenbringen.

In quantification-sma-ctgf-s100a4-041211 steht jeweils nur 1,2,3. Hier fehlen die sample-Nummern.

[3] Welches sind die entgültigen Fluidigm Daten für die Analyse?

Im Ordner Fluidigm sind eine Vielzahl von Dateien die die selben Proben Messen (Übersicht unten). Welches sind die Daten für das Paper?

Z.B diese 3 Dateien messen die selben Gene, welche ist die richtige Datei? Analog unten.

**\*\* BDL-ADME-Fluidigm \*\* [48]**

Ppara	Cyp3a11	Cyp24a1	Nos2	Nfkb1a	Cyp2c39	Nr3c1	Cyp1a2	Abcb1a	Sult1b1	Gstp1	Cxcl15	Cebpa
Nr1h3	Sod2	Sult1a1	Gstm1	Cyp4a10	Hmox1	Ahr	Cebpd	Slc10a1	Gsta2	Dpyd	Socs3	Vdr
Nr2f2	Rxra	Cyp7a1	Ugt1a1	Socs1	Abcg2	Abcc2	Por	Cyp2c37	Nr1i2	Cebpb	Nr0b2	Cyp2b10
Nr2f1	Cyp2d22	Act B	Hnf4a	Hk2	Ptgs2	Nr1i3	Cyp2c29	Gapdh				

**\*\* Rostock-Messungen-ADME-Lauf98 \*\***

Ppara	Cyp3a11	Cyp24a1	Nos2	Nfkb1a	Cyp2c39	Nr3c1	Cyp1a2	Abcb1a	Sult1b1	Gstp1	Cxcl15	Cebpa
Nr1h3	Sod2	Sult1a1	Gstm1	Cyp4a10	Hmox1	Ahr	Cebpd	Slc10a1	Gsta2	Dpyd	Socs3	Vdr
Nr2f2	Rxra	Cyp7a1	Ugt1a1	Socs1	Abcg2	Abcc2	Por	Cyp2c37	Nr1i2	Cebpb	Nr0b2	Cyp2b10
Nr2f1	Cyp2d22	Act B	Hnf4a	Hk2	Ptgs2	Nr1i3	Cyp2c29	Gapdh				

**\*\* Rostock-Messungen-ADME-Lauf98\_2 \*\***

Ppara	Cyp3a11	Cyp24a1	Nos2	Nfkb1a	Cyp2c39	Nr3c1	Cyp1a2	Abcb1a	Sult1b1	Gstp1	Cxcl15	Cebpa
Nr1h3	Sod2	Sult1a1	Gstm1	Cyp4a10	Hmox1	Ahr	Cebpd	Slc10a1	Gsta2	Dpyd	Socs3	Vdr
Nr2f2	Rxra	Cyp7a1	Ugt1a1	Socs1	Abcg2	Abcc2	Por	Cyp2c37	Nr1i2	Cebpb	Nr0b2	Cyp2b10
Nr2f1	Cyp2d22	Act B	Hnf4a	Hk2	Ptgs2	Nr1i3	Cyp2c29	Gapdh				

**\*\* BDL mice ADME genes \*\* [48] \*\***

Pparg	Edn1	Birc5	Sparc	Col1a1	Col8a1	Igf1	Fasl	Bad	Tgfbr2	Rarres1	Lama1	Timp1
Nes	Bcl2l11	Pdgfb	Xiap	Notch3	Cdh1	Timp2	Wisp1	Bak1	Gdf2	Pde4a	Ctgf	Notch1
Tnc	Bax	Cdh2	Pde4b	Fn1	Smad7	Mki67	Prom1	Ch25h	Pde4d	Acta2	Pten	Tgfb2
Mmp10	Col4a3	Act B	Col3a1	Cyp2e1	Rps18	Smad6	Col6a6	Gapdh				

**\*\* Rostock\_Messungen\_Fibrose\_final \*\***

Pparg	Edn1	Birc5	Sparc	Col1a1	Col8a1	Igf1	Fasl	Bad	Tgfbr2	Rarres1	Lama1	Timp1
Nes	Bcl2l11	Pdgfb	Xiap	Notch3	Cdh1	Timp2	Wisp1	Bak1	Gdf2	Pde4a	Ctgf	Notch1
Tnc	Bax	Cdh2	Pde4b	Fn1	Smad7	Mki67	Prom1	Ch25h	Pde4d	Acta2	Pten	Tgfb2
Mmp10	Col4a3	Act B	Col3a1	Cyp2e1	Rps18	Smad6	Col6a6	Gapdh				

**\*\* Kopie von Lauf98\_Rostock\_Messung2\_Zytokine \*\* [48] \*\***

Ccl2	Ifnb1	Cd86	Met	Il28b	Tnfrsf1a	Il1b	Il17a	Cxcl5	Cxcr1	Ifnar1	Osmr
Tgfb1	Ifng	Ccl4	Ccl5	Ccr3	Il1rn	Il13	Tnfrsf1b	Ccl7	Osm	Cd69	Il10rb
Il2	Cd14	Cxcr2	Cxcl1	Tnf	Il10ra	Il10	Ccr2	Egf	Hgf	Ifna1	Ifnar2
Mrc1	Ccr5	Ccl3	Il6	Actb	Il4	Egfr	Ccl8	Cxcl3	Il6st	Gapdh	Cxcl2

\*\* Lauf98\_Rostock\_Messung2\_Zytokine \*\*

Ccl2	Ifnb1	Cd86	Met	Il28b	Tnfrsf1a	Il1b	Il17a	Cxcl5	Cxcr1	Ifnar1	Osmr
Tgfb1	Ifng	Ccl4	Ccl5	Ccr3	Il1rn	Il13	Tnfrsf1b	Ccl7	Osm	Cd69	Il10rb
Il2	Cd14	Cxcr2	Cxcl1	Tnf	Il10ra	Il10	Ccr2	Egf	Hgf	Ifna1	Ifnar2
Mrc1	Ccr5	Ccl3	Il6	Actb	Il4	Egfr	Ccl8	Cxcl3	Il6st	Gapdh	Cxcl2

[4] Gibt es eine Liste mit allen Faktoren ! D.h. Auflistung von allen Größen die am Ende in die Korrelationsanalyse eingehen (Gene Liste, histologische Marker, Antibodies, Blutbild?)  
Ich hätte gerne solch eine Liste für den Abgleich. Damit ich sicher bin, dass die Daten vollständig sind.

Ich habe eine Übersicht angefügt über die geplanten Analysen. Diese sind so ausgerichtet, dass sie die bisherigen Analysen ersetzen werden, allerdings basierend auf etablierten Methoden, wie von den Gutachtern gefordert.

Da ich auch noch in anderen Projekten beteiligt bin wird die Analyse von Prof. Holzhütter angegebenen 1-2 Monate in Anspruch nehmen.

Wir sollten uns Anfang nächster Woche (Skype/Google Hangout) per Videochat unterhalten, am besten gleich Montag 18.00 um uns kennenzulernen und Details abzusprechen

skype: konigmatt

hangout: konigmatt@googlemail.com

Derzeit warte ich noch auf eine klare Zusage von Andreas, dass er einverstanden ist, das ich seinen Part in dem Paper übernehme und die geforderten Analysen mache. Ohne eine schriftliche Zusage seitens Andreas werde ich die Analyse leider nicht durchführen können. Sobald diese vorliegt kann ich anfangen.

Auf gute Zusammenarbeit.

Matthias

-----  
Matthias Koenig  
Computational Systems Biochemistry  
Institute of Biochemistry  
Charité - Universitätsmedizin Berlin  
<http://www.charite.de/sysbio/people/koenig/>  
Tel: + 49 30 450 528 197  
Email: matthias.koenig@charite.de  
<http://scholar.google.com/citations?user=xD9IjnYAAAAJ&hl=en>