

Institut für Biometrie, Epidemiologie u. Informationsverarbeitung,  
Stiftung Tierärztliche Hochschule Hannover, Bünteweg 2, 30559 Hannover

Prof. Dr. Lothar Kreienbrock

Institut für Biometrie, Epidemiologie und  
Informationsverarbeitung

WHO-Collaborating Center for Research and Training for  
Health at the Human-Animal-Environment Interface

Bünteweg 2  
30559 Hannover

Tel.: (05 11) 9 53-79 50

Fax: (05 11) 9 53-79 74

E-Mail: lothar.kreienbrock@tiho-hannover.de

<http://www.tiho-hannover.de/bioepi>

Hannover, 5. März 2019

## Vergabe einer Bachelorarbeit Medizinisches Informationsmanagement

### "Durchführung von Clusteranalysen mit Darstellung von Dendrogrammen und/oder Minimal Spanning Trees bei gleichzeitiger Berücksichtigung von externen kategorialen Variablen"

#### Aufgabe

Die Clusteranalyse wird als distanzbasiertes Verfahren u.a. in mikrobiologischen Daten zur Entdeckung von Strukturen verwendet. Dabei werden Datenpunkte, die eine höhere Ähnlichkeit zueinander aufweisen und damit eine geringere Distanz zueinander haben als ein Cluster definiert. Grafisch lässt sich die entstandene Clusterung/Baumstruktur mittels (z.B. kreisförmiger) Dendrogramme darstellen (siehe Abbildung).

Für unterschiedliche Definitionen von Distanzmatrizen sollen im Rahmen der Bachelor-Arbeit die Möglichkeiten/Grenzen der Statistik-Programme SAS und R aufgezeigt werden und besonders in Hinblick auf externe kategoriale Variablen untersucht werden.

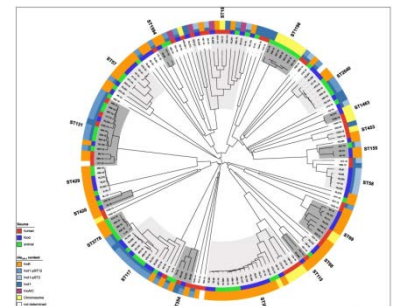


Fig. 1  
H5N1-based neighbour joining tree of 104 H<sub>5</sub>N<sub>1</sub> core isolates based on an all-locus cpMLST including 2547 alleles. The tree was built with  
bootstrap values indicated by 100, 50, 25. Different H<sub>5</sub>N<sub>1</sub> clusters are highlighted with background color shading. The star-shaped rings represent  
the origin of the samples (inner ring) and the corresponding region (outer ring) to the present H<sub>5</sub>N<sub>1</sub> clonal lineage (outer ring).  
H5N1 genome analysis of 2012-2013 avian influenza A(H5N1) viruses from humans, animals and birds in Germany  
BMC Genomics 2014, 15:102

#### Anforderung

gute Struktur- und Programmierkenntnisse SAS/R, grundlegende Kenntnisse der Biometrie, Bereitschaft sich in tiermedizinische Themen einzuarbeiten

#### Zeitraumen

2-3 Monate zzgl. fachlicher Einarbeitung

#### Vergütung

keine

#### Ansprechpartner

Prof. Kreienbrock

1 / 1