

# **Cluster, Grid & Cloud: Rechenintensive Verfahren in der biostatistischen Anwendung**

*AG Statistical Computing*

*PD Dr. Harald Binder, Institut für Medizinische Biometrie und Medizinische Informatik, Universität Freiburg*

*Dr. Matthias Schmid, IMBE, Universität Erlangen-Nürnberg*

*AG Statistische Methoden in der Bioinformatik*

*Prof. Dr. Tim Beißbarth, Medizinische Statistik, Universitätsmedizin Göttingen*

Umfangreiche Datensätze mit genomweiten, molekularbiologischen Messungen, z.B. zur Genexpression oder zu genomischer Struktur, werden vermehrt von Biostatistik/Bioinformatik-Einrichtungen analysiert. Deshalb ist dort ein stark wachsender Bedarf an Rechner-Ressourcen zur Anwendung biostatistischer und bioinformatischer Methoden entstanden. Als technische Lösung innerhalb von Biometrie/Bioinformatik-Einheiten werden dazu vermehrt *Compute-Cluster* etabliert, teilweise ergänzt durch universitäre *Compute-Grid*-Lösungen für aufwändigere Berechnungen. Als neue Alternative stehen zunehmend *Public Cloud*-Anbieter zur Verfügung, von denen externe Rechen-Kapazitäten nach Bedarf gemietet werden können. Die Arbeitsgruppen "Statistical Computing" (GMDS und IBS-DR) und "Statistische Methoden in der Bioinformatik" (GMDS und IBS-DR) organisieren deshalb diesen Workshop, um aufzuzeigen welche Arten von biostatistischen und bioinformatischen Ansätzen für die Anwendung in Cluster-, Grid- und Cloud-Systemen besonderes geeignet sind, wo sich Probleme in der konkreten Nutzung ergeben, und wie Lösungsansätze dafür aussehen könnten. Zusätzlich zu eingeladenen Vortragenden, die spezifische Aspekte beleuchten, ist eine Diskussionsrunde geplant, in dem zusammen mit den Workshop-Teilnehmern Anwendungsszenarios für die Public Cloud-Nutzung ausgearbeitet werden sollen.

**Dauer:** 2 Stunden, vier Vorträge a 25 Minuten und eine moderierte Diskussionsrunde zum Thema "Biometrische/bioinformatische Anforderungsszenarios für die Public Cloud-Nutzung"

## **Vorträge**

*Sergej Potapov, mit Werner Adler (beide Friedrich-Alexander Universität Erlangen-Nürnberg):*

Paralleles Rechnen am IMBE Erlangen - Infrastruktur, Lösungen und Anwendungen.

*Christoph Bernau, mit Anne-Laure Boulesteix (beide LMU München):*

Anwendung von Microarray-Analysemethoden auf Höchstleistungsrechnern und Clouds

*Jochen Knaus, mit Stefanie Heike und Guido Schwarzer (Albert-Ludwigs-Universität Freiburg):*

Kosten und Nutzen einer Public Cloud für eine Biometrie-Abteilung, illustriert an einem Permutationsansatz

*Markus Schmidberger (Cloudnumbers.com, Berlin/München):*

Computersimulationen in den Lebenswissenschaften - Ein einfacher und effizienter Weg in die Cloud

