

„Forschungsdatenmanagement biomedizinischer Genomdaten“

am 27. März 2012 von 14.00 bis 18:00 Uhr in Kiel

- Ärztekasino, 2. OG, Klinik für Innere Medizin I -

14.00 Uhr	Begrüßung	J. Hampe
14.15 Uhr	Gesamtvorstellung des Projektes LABIMI	F. Dickmann
14.35 Uhr	Problemstellung Datenarchivierung von Genomdaten: Sicherheit / Zugriff / Metadaten?	J. Hampe
14.45 Uhr	Praxisbeispiel: Aufklärung der Genetik von Hämochromatose und Gallensteinleiden durch „Nachnutzung“ von GWAS-Daten	S. Buch
15.15 Uhr	Praxisbeispiel: NG-Sequencingdaten – Artefaktsammlung oder Datenschatz – lohnt sich die Archivierung?	M. Nothnagel
15.45 Uhr	Kaffeepause	
16.15 Uhr	Datenstandards bei Sequenzierungsdaten	A. Herrmann
16:45 Uhr	Eine neue effiziente Datenstruktur für die Speicherung und Abfrage multipler Biosequenzen	S. Kurtz
17.00 Uhr	SNP array und Next-Generation Sequenzierungs Daten; Qualität und Analysestrategien	M. Wittig
17.30 Uhr	Diskussion und Lösungsstrategien	F. Dickmann J. Hampe M. Krawczak