

Biometrisches Kolloquium 2015

## Tutorium "MiSeq, HiSeq, RNA-Seq, ChiP-Seq, ...-Seq: Was heißt das, und was fange ich damit an?"

### Referenten:

Tanja Zeller, Universitäres Herzzentrum Hamburg

Johanna Mazur, Institut für Medizinische Biometrie, Epidemiologie und Informatik, Universitätsmedizin Mainz

Carmen Dering, Institut für Medizinische Biometrie und Statistik, Universität zu Lübeck

### Organisatoren:

Harald Binder, Institut für Medizinische Biometrie, Epidemiologie und Informatik, Universitätsmedizin Mainz

Inke König, Institut für Medizinische Biometrie und Statistik, Universität zu Lübeck

### Inhalt:

Zum Schlagwort NGS (Next Generation Sequencing) gehören Messplattformen zur Hochdurchsatzsequenzierung, Genexpressionsmessung und Bestimmung weiterer molekularer Charakteristika, aber auch dazugehörige neue Techniken der Bioinformatik und Biostatistik. Auf technologischer Seite haben sich einige Plattformen (z.B. MiSeq und HiSeq der Firma Illumina) etabliert. Demgegenüber steht jedoch eine kaum überschaubare Zahl von Werkzeugen zur Datenverarbeitung. Bisher gibt es keinen Standard-Weg zur Analyse, sondern je nach Projektanforderung müssen Komponenten zu einem Analyseworkflow kombiniert werden, der sowohl bioinformatische als auch biostatistische Teile beinhaltet. Als Basis dafür behandelt dieses Tutorium

- 1) Biologische Grundlagen der Sequenzierungsmethoden und eingesetzten Plattformen zur Messung
- 2) Workflow-Komponenten vom Alignment bis zum statistischen Testen, illustriert an RNA-Seq und ChIP-Seq-Anwendungen
- 3) Ansätze zur Analyse von seltenen Varianten

Das Tutorium legt eine breite Wissensbasis, kann aber nicht den konkreten Software-Einsatz einüben. Es ist prinzipiell für einen Neueinstieg in die Thematik geeignet. Einige Grundlagen (z.B. aus dem Tutorium im Rahmen des Biometrischen Kolloquiums 2014) und erste Erfahrungen erlauben aber eine vertiefte Diskussion

**Preis:** 75€ pro Person (IBS: 50€, Studierende: 30€, Studierende IBS: 15€)