

Next Generation Sequencing in Mecklenburg-Vorpommern (NGS-MV):

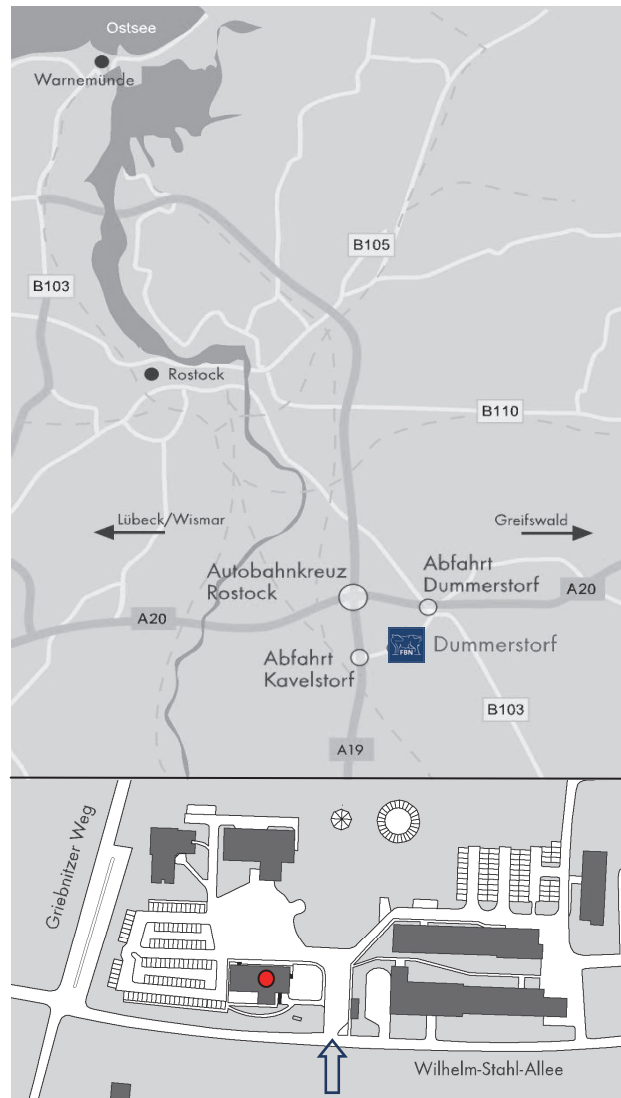
Ziel der Initiative NGS-MV ist es, vorhandene Ressourcen für diese die biomedizinische Forschung in Zukunft wesentlich beeinflussende

Technologie in MV aufzuzeigen, von gegenseitigen Erfahrungen zu profitieren sowie Kooperationen im Land anzustoßen. Dabei baut die Initiative auf Projekte auf, die bereits

an den Hochschulen und Forschungseinrichtungen in Mecklenburg-Vorpommern bearbeitet werden. Die enorme Komplexität der NGS-Technologie wird zunehmend das Zusammenspiel einer Reihe von Fachdisziplinen wie Genetik, Bioinformatik, Mikrobiologie oder Systembiologie erfordern, die auch einzeln bereits im Land etabliert sind. Der Workshop soll einen weiteren Austausch von Expertise aus den unterschiedlichen Disziplinen ermöglichen und Horizonte für neue Forschungsansätze aufzeigen. Wir möchten daher alle Interessenten an Next Generation Sequencing-Technologie zur aktiven Teilnahme am Workshop einladen. Besonders einladen möchten wir junge Wissenschaftler/Innen zu einem intensiven Seminar mit eigenen Beiträgen zu konkreten Arbeiten auf den Themenfeldern NGS in Pro- bzw. Eukaryonten.

Georg Fuellen
Andreas Kuss
Israel Barrantes
Christian Junghanß

Christa Kühn
Pål Westermark
Hugo Murua Escobar
Mohamed Hamed



Leibniz-Institut für Nutztierbiologie (FBN)
Wilhelm-Stahl-Allee 2
D - 18196 Dummerstorf
www.fbn-dummerstorf.de



Workshop Next-Generation-Sequencing (NGS)

Leibniz-Institut für Nutztierbiologie
Montag, 8. Oktober 2018



BioCon Valley®



Program

Monday, 8. Oktober 2018

8:00 Registration (Convention Center)

9:10 - 9:15

Welcome **Prof. Dr. K. Wimmers**
Head of FBN Dummerstorf

9:15 - 9:45

Keynote 1: **Jan Gorodkin** (Center for non-coding RNA in Technology and Health, Kopenhagen/Dänemark)
„Assessment and prediction of CRISPR-Cas9 on/off-targets“

9:45 - 10:30

Contributed talks

Höper, Dirk: *“Improved library preparation for Ion Torrent sequencing using custom-made Y-adapters”*

Murua Escobar, Hugo: *“TBA”*

Wolfien, Markus: *“Structured Analysis and Integration of RNA-Seq Experiments: de.STAIR”*

10:30 - 11:15

Coffee break, Posters, Networking

11:15 - 11:45

Keynote 2: **Sebastian Kadener** (Brandeis University, Waltham/USA)
„From single cells to whole transcriptomes: How NGS allows us to understand the functions of circular RNAs in the brain“

11:45 - 12:30

Contributed talks:

Berthold, Anne: *„The path to ChIP-Seq: optimization of ChIP assays for bovine udder cell models“*

Brodhagen, Johanna: *„Evaluation of a method for depletion of highly expressed transcripts for transcriptome analysis of pathogen-infected and non infected udder quarters“*

Nath, Neetika: *„Detection of Radiation-induced Alteration in the Exome of the Human Gingiva Fibroblast“*

12:30 - 14:15

Lunch, Posters, Networking, Group Foto

14:15 - 14:45

Keynote 3: **Bernd Timmermann** (Max-Planck-Institute for Molecular Genetics, Berlin)
“A decade of Next Generation Sequencing at the Max Planck Sequencing Core Facility: Technologies, Applications and Projects”

14:45 - 15:30

Contributed talks:

Hoff, Katharina: *“Increasing accuracy of fully automated gene prediction with transcriptome data”*

Hamed, Mohamed: *“Machine learning applications of NGS data”*

Fuellen, Georg: *“TBA”*

15:30 - 16:15

Coffee break, Poster, Networking

16:15 - 16:45

Keynote 4: **Thomas Werner** (Internal Medicine-Nephrology Division, University of Michigan)
„NGS and other High-Throughput technology in Medicine: Lost in translation or the promised land?“

16:45 - 17:30

Contributed talks:

Thiesen, Hans-Jürgen: *„Comparative validation of whole genome data generated by the NGS technology platform initially offered by complete genomics versus the updated platform offered by BGI in Hong kong“*

De los Rios Perez: *„Identification of SNPs in RNA-Seq samples in rainbow trout (Oncorhynchus mykiss)“*

17:30 Farewell

Next Generation Sequencing

Die Einführung der Next-Generation-Sequencing (NGS)-Technologie erlaubt eine kosteneffiziente Sequenzierung von Genomen und Transkriptomen von Pro- und Eukaryonten in vergleichsweise kurzer Zeit. Daher ermöglicht NGS die vergleichende Analyse mehrerer Genome/Transkriptome hinsichtlich chromosomaler Veränderungen, *Mutationen* oder Unterschieden in transkriptionaler Aktivität. Darüber hinaus eröffnet NGS neue Ansätze zur virologischen, mikrobiologischen oder pathologischen Diagnostik. Im Verlauf der letzten Jahre sind die Kosten für die NGS-sequenzierte Megabase kontinuierlich gefallen, was den Einsatz der Technologie für zahlreiche Anwendungen ermöglicht hat. Allerdings sind mit dem Einsatz hohe Anforderungen hinsichtlich Assemblierung, Annotation und Datenauswertung verbunden, die große Herausforderungen darstellen und interdisziplinäre Expertise erfordern.



Registrierung

Der Workshop findet im Tagungszentrum des Leibniz-Instituts für Nutztierbiologie (FBN) statt. Im Eingangsbereich befindet sich das Tagungsbüro. Die Tagungsgebühr beträgt 20,- €. In der Tagungsgebühr sind die Teilnahme am Workshop, die Mittags- und Pausenversorgung sowie Arbeitsunterlagen enthalten.

Link: <https://sites.google.com/site/nexgenseqmv/>

Kontakt:

Prof. Dr. Ch. Kühn Institut für Genombiologie FBN-Dummerstorf kuehn@fbn-dummerstorf.de Tel: 038208/68-709	Prof. Dr. Georg Fuellen Institut für Biostatistik und Informatik in der Medizin und Altersforschung- IBIMA fuellen@uni-rostock.de Tel: 0381/494-7360
---	---