



## Informationsveranstaltung

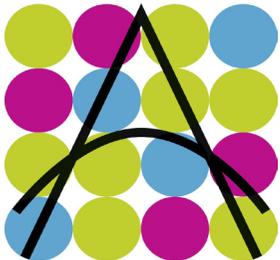
Qualitätsmanagement  
für Hochdurchsatz-Genotypisierung

Genomweite Assoziationsstudien sind dank der Verfügbarkeit hoch integrierter Technologien (Microarrays) zum Nachweis von SNPs (single nucleotide polymorphisms) seit einigen Jahren technisch machbar geworden. Nach wie vor sind jedoch die gewonnenen Daten mit Fehlern behaftet und die Verfahren in der Prozessierung der Daten kaum standardisiert, mit entsprechenden Konsequenzen für die Aussagekraft und Reproduzierbarkeit der Ergebnisse.

Im Projekt ‚Qualitätsmanagement für Hochdurchsatz-Genotypisierung‘ wurde eine Bestandsaufnahme und vergleichende Bewertung derzeit gängiger Verfahren für den qualitätsgesicherten Import von Primärdaten, die Beurteilung der Datenvalidität, die Fehlererkennung und -korrektur, die Replikation von Genotypisierungsstudien sowie für Datenhaltung und -transfer durchgeführt und Empfehlungen und Tools hierfür erarbeitet.

**Diese Informationsveranstaltung stellt die Ergebnisse den interessierten Fachkollegen und der Öffentlichkeit vor und wirbt für die breite Anwendung und Weiterentwicklung von Qualitätsmanagement-Methoden im Bereich der Hochdurchsatz-Genotypisierung.**

Weitere Informationen zum Projekt:  
<http://genotypisierung.tmf-ev.de>



## Wir bringen Forscher zusammen

TMF – Austausch und Lösungen  
für die medizinische Verbundforschung

Wer patientenorientierte Forschung an verteilten Standorten betreibt, Daten und Materialien sammelt und diese IT-gestützt dokumentiert, auswertet oder weitergibt, steht vor Herausforderungen, die in der biomedizinischen Forschung relativ neu sind. Vielfach liegen für diese Fragen bisher noch keine Lösungen, teilweise nicht einmal gesetzliche Regelungen vor. Um gemeinsam diese organisatorischen, rechtlich-ethischen und technologischen Probleme zu identifizieren und zu lösen, haben sich zahlreiche Forschungsverbände in der TMF (Telematikplattform für Medizinische Forschungsnetze e.V.) zusammengeschlossen. Knapp 80 Forschungsverbände sind derzeit Mitglieder in der TMF.

[www.tmf-ev.de](http://www.tmf-ev.de)

**Die TMF, das Projekt ‚Qualitätsmanagement für Hochdurchsatz-Genotypisierung‘ sowie diese Informationsveranstaltung werden gefördert vom Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF).**

TMF – Technologie- und Methodenplattform  
für die vernetzte medizinische Forschung e. V.

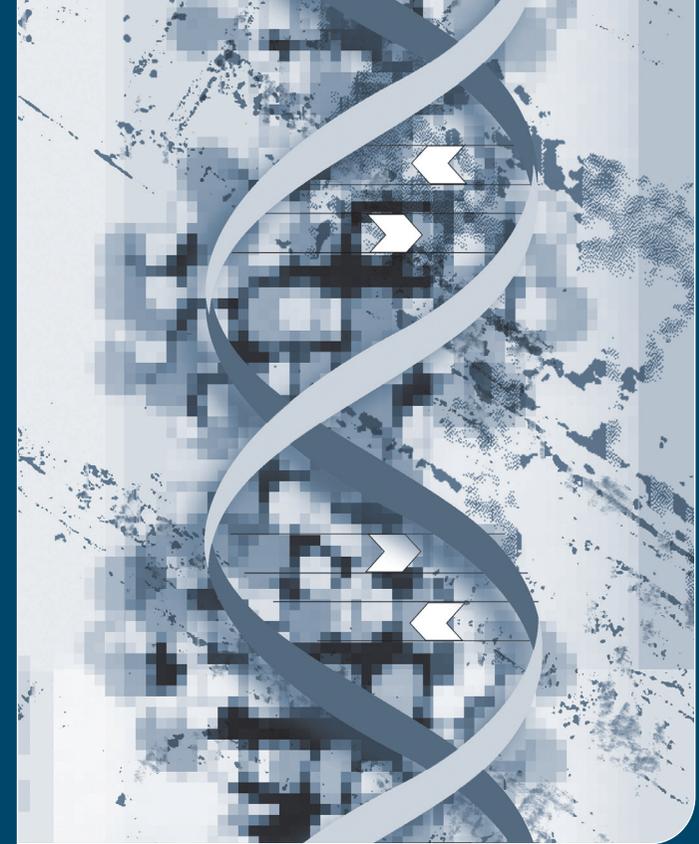
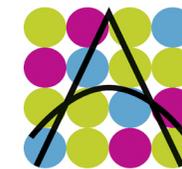
Neustädtische Kirchstraße 6  
10117 Berlin  
Tel.: +49 (30) 31 01 19 50  
Fax: +49 (30) 31 01 19 99

[info@tmf-ev.de](mailto:info@tmf-ev.de)  
[www.tmf-ev.de](http://www.tmf-ev.de)

GEFÖRDERT VOM



Bundesministerium  
für Bildung  
und Forschung



Informationsveranstaltung

## Qualitätsmanagement für Hochdurchsatz-Genotypisierung

21. Juni 2010 | Berlin

## Programm

- 10.30 Uhr Begrüßung und Einführung**  
Prof. Dr. Michael Krawczak  
Mathias Freudigmann
- 10.45 Uhr Validität**  
Dr. Arne Schillert  
Prof. Dr. Andreas Ziegler
- Automatische Beurteilung von Cluster-Plots
  - Verfahren zum Genotyp-Calling
- 11.30 Uhr Plausibilitätskriterien**  
Dr. Thomas Bettecken  
Prof. Dr. Bertram Müller-Myhsok
- Qualitätskriterien für SNP-Genotypen
  - Aufarbeitung von SNP-Daten
  - Statistische Qualitätskriterien
  - Nicht-kanonische Intensitätscluster und Automatisierung von Calling-Verfahren
  - Begleitdokumentation zu SNP-Daten
- 12.15 Uhr Mittagsimbiss**
- 13.00 Uhr Fehlererkennung und -korrektur**  
Dr. Michael Steffens  
Prof. Dr. Thomas Wienker
- Vergleich von Chip-Typen
  - Fehlerwahrscheinlichkeit und Fehlermodell
  - High-Level-Parameter
  - Scores zur Cluster-Validierung
- 13.45 Uhr Replikationsstudien**  
Dr. Arne Pfeufer
- Vorführung der Software ‚RepliCheckSNP‘ zur standardisierten und systematischen Qualitätskontrolle von Genotypisierungsdaten aus Replikationsstudien

- 14.30 Uhr Kaffeepause**
- 14.45 Uhr Datenhaltung und -transfer**  
Dr. Andreas Wolf
- Datenformate
  - Datenbankstrukturen
  - Backup
  - Datenschutz
  - Testen von Programmen und Formatversionen
- 15.30 Uhr Diskussion**
- 16.00 Uhr Ende der Veranstaltung**

## Organisatorisches

### Termin:

Montag, 21. Juni 2010, 10.30 - 16.00 Uhr

### Ort:

Hörsaal der Kaiserin-Friedrich-Stiftung,  
Robert-Koch-Platz 7, 10115 Berlin  
(schräg gegenüber dem Charité-Hochhaus)

### Organisation:

Geschäftsstelle TMF e.V.

Jenny Kumm

Tel.: 030 - 31 01 19 54 | E-Mail: info@tmf-ev.de

**Teilnahmegebühr:** keine

### Anmeldung:

Vorherige Anmeldung unter [www.tmf-ev.de/anmelden](http://www.tmf-ev.de/anmelden)  
(Teilnehmerzahl begrenzt).

## QM Genotypisierung: Teilprojektleiter

**Prof. Dr. Michael Krawczak (Projektleitung)**  
Christian-Albrechts-Universität Kiel  
krawczak@medinfo.uni-kiel.de

**Dr. Thomas Bettecken**  
CAGT-Center for Applied Genotyping | MPI für Psychiatrie, München  
bettecken@mpipsykl.mpg.de

**Mathias Freudigmann**  
Geschäftsstelle TMF e.V.  
mathias.freudigmann@tmf-ev.de

**Dr. Bernhard Korn**  
DKFZ Heidelberg  
b.korn@dkfz-heidelberg.de

**Prof. Dr. Bertram Müller-Myhsok**  
MPI für Psychiatrie, München  
bmm@mpipsykl.mpg.de

**Dr. Arne Pfeufer**  
TU München | Helmholtz Zentrum München  
arne.pfeufer@helmholtz-muenchen.de

**Prof. Dr. Thomas Wienker**  
Rheinische Friedrich-Wilhelms-Universität Bonn  
wienker@uni-bonn.de

**Prof. Dr. Andreas Ziegler**  
Universität zu Lübeck  
ziegler@imbs.uni-luebeck.de