

Montag, 22.02.2010

Gebiet		Vortragender	Thema
	09:00-09:20	Prof. Dr. Markus Löffler	Eröffnung
Medizinische Informatik Chair: Prof. Dr. Alfred Winter			
	09:20-09:40	Franziska Jahn	Vergleichende Prozessanalyse von Informationssystemen in Universitätsklinika
	09:40-10:00	Dr. Gert Funkat	Medienumstellung für das Strategische Rahmenkonzept des UKL
	10:00-10:20	Sebastian Stäubert; Matthias Löbe	Ontologie-basiertes Data Mining auf klinischen und genomischen Daten mit i2b2
Pause (Pressegespräch 10:30-11:30) im Seminarraum 2			
Medizinische Ontologien Chair: Prof. Dr. Heinrich Herre			
	10:40-11:00	Alexandr Uciteli; Silvia Groß	Metadata Repository für die klinische und epidemiologische Forschung
	11:00-11:20	Ringo Baumann	Mereotopological Structure of the Brentanoraum - An Axiomatic Foundation
	11:20-11:40	Dr. Thomas Neumuth (ICCAS)	A Four-Level Translational Approach to Modeling Surgical Processes
	11:40-12:00	Dr. Robert Hoehndorf	Ontology of Biological Sequents
Pause			
Freie Themen	13:00-13:20	Prof. Dr. Markus Löffler	LIFE
Klinische Studien Chair: Dr. Oana Brosteanu / Dirk Leopold			
	13:20-13:40	Dirk Leopold	Entwicklung der SMO des Zentrums für klinische Studien
	13:40-14:00	Dr. Dr. Götz Gelbrich	Herzinsuffizienz und komorbide Depression: Henne und Ei, oder interagierende Leiden?
	14:00-14:20	Volker Holzendorf	Biometrische Unterstützung von Monitoringbesuchen
	14:20-14:40	Evelyn Kuhnt	Prognostische Bedeutung des AKI-Stages bei schwerer Sepsis
Pause			
	15:00-15:20	Dr. Meinhard Mende	Marker und ROC-Kurven
	15:20-15:40	Dr. Annegret Franke	Perkutane Koronarintervention bei STEMI-Patienten – eine Meta-Analyse
Genetische Statistik / Biometrie Chair: Prof. Dr. Korbinian Strimmer/ Dr. Dirk Hasenclever			
	15:40-16:00	Bernd Klaus	Hochdimensionales Testen und Klassifikation: "Higher Criticism" versus "False Discover Rates"
	16:00-16:20	Verena Zuber	Variablenselektion unter Berücksichtigung von inter-Gene Korrelationen: vom "cat" zum "car" Score
Pause			
	16:40-17:00	Dr. Dirk Hasenclever	Logik von Guesstimates - Maximum Entropie Reasoning am Beispiel der Planung von Diagnostikstudien
	17:00-17:20	Arnd Groß (Dr. Markus Scholz)	Vergleich von Populationen mittels genomweiter SNP-Arrays
	17:20-17:40	Dr. Peter Ahnert	"Fallstricke in Kandidatengenanalysen" ([gelöste] Beispiele aus der Arbeit der Genetikgruppe
	17:40-18:00	Nab Roshyara	Imputation bei genetischen Daten

ab 18.30 Uhr: IMISE-Fußballturnier in der Soccer-World

Dienstag, 23.02.2010

Gebiet		Vortragender	Thema
Systembiologie / Mathemat. Modellierung			
Chair: Prof. Dr. Markus Löffler Dr. Ingo Röder			
	09:00-09:20	Marcus Wetzler	Methodische Aspekte bei Modellanpassungen
	09:20-09:40	Samira Zeynalova	Ein semi-Markov Modell für die Vorhersage eines Tumorrezidives
	09:40-10:00	Katja Rösch	Modellierung immunogener Tumore und ihrer Therapie
	10:00-10:20	Sebastian Gerdes	Estimating Cellular Bar Code Complexities
Pause			
	10:40-11:00	PD Dr. Ingo Röder	Predicting combination therapies for CML
	11:00-11:20	Nico Scherf	Quo vadis ? - The tracking story, continued
	11:20-11:40	Peter Buske	Stem cell and tissue organisation in the intestinal crypt
	11:40-12:00	Ruslan Masold	Erweiterung des medizinischen Therapieplanungs-system „Oncoworkstation“ mit Hilfe von methoden der Entscheidungsunterstützung
Mittagspause			
Freie Themen	13:00 -13.20	Dr. Jens Dietrich	Vorstellung des Studiengangs Klinische Forschung
Bioinformatik			
Chair: PD Dr. Hans Binder			
	13:20-13:40	PD Dr. Hans Binder	Von den Daten zum Modell und zurück: Gene, Transkripte & Co.
	13:40-14:00	Henry Wirth	Kartierung mittels hochdimensionaler Daten: Der Anatomieatlas des Menschen mal anders
	14:00-14:20	Mario Fasold	Chipologie-Basics: Signalverarbeitung und Qualitätskontrolle
Pause			
Special Lecture	15:00-16:00	Dr. Michal-Ruth Schweiger (MPI-MolGen Berlin)	Cancer (epi)genomics with next generation sequencing
	16:00-16:20	Markus Kreuz	Auswertung von Methylierungsmessungen durch Pyrosequenzierung
	16:20-16:40	Andreas Heffel	Automatische Auswertung von embryonalen Fruchtfliegen-Expressionsmustern
	16:40-17:00	Lars Greulich	Klassifizierung von Prostatakarzinomen durch quantitative Histomorphometrie