



Universität für Bodenkultur Wien  
University of Natural Resources  
and Life Sciences, Vienna

## WORKSHOP BIOINFORMATIK

**Mittwoch, 20.03.2013, ab 12:30 Uhr**  
**Hörsaal XXI, Muthgasse I**

<b>ERÖFFNUNG</b> des Workshops durch Vizerektor Dr. Georg HABERHAUER	12:30-12:45 Uhr
<b>IMPULS-VORTRÄGE</b> <b>Univ. Prof. DI Dr. Friedrich LEISCH</b> „Biostatistik trifft Bioinformatik“  <b>Assoc. Prof. Dr. David Kreil</b> „Bioinformatik trifft das Labor“	12:45-13:30 Uhr
<b>VORTRÄGE A 10 MIN – BIOINFORMATIK IN DER PRAXIS I</b> Chair: Univ. Prof. DI Dr. Friedrich LEISCH  - <b>Ao. Univ. Prof. DI Dr. Peter HOLUBAR, MBA</b> Design of Experiments & Statistische Versuchsplanung  - <b>Jürgen ZANGHELLINI</b> Sequenzierungs und/oder Anotierungsservices - BioInformatics  - <b>Priv.-Doz. <sup>in</sup> Dr. <sup>in</sup> Fatemeh MAGHULY</b> Next Generation Sequencing for transcriptome analysis in Jatropha: A biofuel model plant  - <b>DI Dr. Gerald Striedner</b> BioInformatik in der Charakterisierung von Bioprozessen  - <b>Univ. Prof. DI Dr. Johann SÖLKNER</b> „Sam, bam, fasta and fastq: making sense of whole genome sequence data with bioinformatics tools“  - <b>Ao. Univ. Prof. Dipl.-Chem. Dr. Rainer SCHUHMACHER</b> Bioinformatics for untargeted metabolomics	13:30-15:00 Uhr
<b>KAFFEEPAUSE</b>	15:00 -15:30 Uhr
<b>VORTRÄGE A 10 MIN – BIOINFORMATIK IN DER PRAXIS II</b> Chair: Assoc. Prof. Dr. David Kreil	

<p><b>- Ao. Univ. Prof. DI Dr. Gerhard ADAM</b> Genom-Annotationen (Brachypodium, Fusarium, Weizen), Transkriptomik</p> <p><b>- Dr. Jürgen KLEINE-VEHN</b> Auswertung von next-Generation Sequencing Data Sets und Microarrays (Arabidopsis)</p> <p><b>- Priv. Doz. Christoph SCHÜLLER</b> Functional genomics and chemogenomics in yeast (Microarrays, RNA-Seq)</p> <p><b>- Univ. Prof. Mag. Dr. Joseph STRAUSS</b> RNA-Seq, ChIP-Seq (Aspergillus), Pilz-Phylogenie</p> <p><b>- Univ. Prof. DI Dr. Hermann BÜRSTMAYR</b> BioInformatik für Genomics und Transcriptomics für die Pflanzenresistenzforschung</p> <p><b>- Univ. Prof. DI Dr. Diethard MATTANOVICH</b> Genome-scale analysis of microorganisms: genome sequencing and annotation, transcriptomics, proteomics, metabolomics, <sup>13</sup>C fluxomics and their integrative analysis</p> <p><b>- Dr.in Ulrike Anhalt</b> More Data more Trouble</p>	15:30 -17:15 Uhr
<p><b>DISKUSSIONSRUNDE</b> wird moderiert von <b>Univ. Prof. DI Dr. Rudolf KRASKA</b></p>	17:15-18:00 Uhr
<b>AUSKLANG MIT BOKU-WEIN</b>	

Um Anmeldung an Frau Anna Haider wird ersucht: anna.haider@boku.ac.at