

**Programm des Dritten Treffens des DFG-Schwerpunkts
„Informatikmethoden zur Analyse und Interpretation
großer genomischer Datenmengen“**

Bielefeld, 4.-5. Oktober 2001

Thursday, 4. Oktober 2001

12:15 Lunch

13:20 Welcome Address

Session 1: Genome Analysis (Chair: Gerhard Sagerer)

13:30 Gerhard Kauer: *Spectral analysis in bioinformatics*

Projekt: Spektrale Analyse in der Bioinformatik: Ein neues Verfahren für den schnellen Vergleich großer sequenzbasierter Datenmuster als Alternative zu BLAST
(Leiter: Gerhard Kauer)

14:00 Stefan Gräf and Dirk Strothmann: *Hybrid patterns: formation and querying*

Projekt: Entwicklung eines Systems zur deklarativen Beschreibung und effizienten Suche hybrider Muster in großen genomischen Datenmengen
(Leiter: Gerhard Steger, Stefan Kurtz)

14:30 Jürgen Kleffe: *Improving Genemark gene predictions by EST matching*

Projekt: Neue Software zur Modellierung und Annotation von Genen
(Leiter: Jürgen Kleffe, Burghard Wittig)

15:00 Grigory Kolesov: *Context based methods for gene function prediction*

Projekt: Erkennung von Genen in prokaryontischen Genomen
(Leiter: Dmitrij Frishman, Hans-Werner Mewes)

15:20 John Taylor: *The origin of duplicated fish genes*

Projekt: Gene and Genom-Duplikationen und die Evolution neuer Genfunktionen in Deuterostomiern
(Leiter: Yves van de Peer)

15:50 Coffee

Session 2: Genome Analysis and Protein Structures (Chair: Ralf Hofestädt)

16:30 Martin Däumer: *Generation of valid HIV genotypic data*

16:50 Niko Beerenwinkel: *Predicting phenotypic HIV drug resistance from genotype*

Projekt: Bioinformatikanalyse der Zusammenhänge von Mutationen des HIV Genoms mit phänotypischer Medikamentenresistenz zur Optimierung antiviraler Therapien

(Leiter: Rolf Kaiser, Joachim Selbig, Daniel Hoffmann)

17:10 Holger Maier: *Automatic extraction of biological knowledge from publications*

Projekt: Entschlüsselung und Modellierung Genregulatorischer Netzwerke in Form gerichteter Graphen

(Leiter: Thomas Werner)

17:40 Mario Albrecht: *Sequence-structure alignment with experimental constraints*

Projekt: PROSEQO: Flexible Beschreibung und Optimierung biologischer Randbedingungen zur Aufdeckung von Sequenz-Struktur Beziehungen von Proteinen

(Leiter: Thomas Lengauer, Ralf Zimmer)

18:10 Niklas von Oehsen: *Profile-profile alignment*

Projekt: PROPHY: Multiple Protein Alignment Algorithmen mit Splitmetriken und Validierung von Phylogenien

(Leiter: Ralf Zimmer)

19:00 Dinner

Session 3: Protein Docking (Chair: Stefan Kurtz)

20:00 Steffen Neumann: *Assessing flexibility for protein volume models*

Projekt: Entwicklung von effizienten Methoden für das 1:n Docking von Proteinen unter Berücksichtigung lokaler Flexibilität

(Leiter: Gerhard Sagerer, Hans-Peter Kriegel, Thomas Seidl)

20:30 Axel Jörg Scheidig: *Practical aspects for the protein-protein docking approach*

Projekt: Entwicklung eines Protein-Protein-Docking Algorithmus und Applikationen dieses Algorithmus zur Struktur-Funktions-Analyse von Proteinen

(Leiter: Hans-Peter Lenhof, Peter Bayer, Axel Jörg Scheidig)

Friday, 5. Oktober 2001

8:00 Breakfast

9:00 Invited Talk: Anke Becker: *Functional genomics projects for the analysis of plant-microbe symbioses: Why do we need bioinformatics?*

Session 4: Metabolic Networks (Chair: Jens Stoye)

9:45 Thomas Dandekar: *Divide and conquer: genome based analysis of metabolic networks*

10:15 Ferdinand Moldenauer: *Metabolic pathway analysis – software and applications*
Projekt: Stoffwechselwegvorhersagen mittels Genomanalyse und Enzymkettenmodellierung
(Leiter: Stefan Schuster, Thomas Dandekar, Peer Bork)

10:45 Coffee

Session 5: Metabolic Networks (Chair: Robert Giegerich)

11:30 Andreas Freier: *MARGBench – a framework for integration, modeling and animation of gene controlled metabolic networks*
Projekt: Modellierung und Animation regulatorischer Genwirknetze
(Leiter: Ralf Hofestädt)

12:00 Daniela Degenring: *Evaluating rapid-sampling-experiments for metabolom analysis*

12:30 Wolfgang Wiechert: *Variation und distributed simulation of metabolic models*

Projekt: Modellierung metabolischer Netzwerke auf der Grundlage von In-vivo-, In-Vitro- und In-silico-Daten
(Leiter: Ralf Takors, Wolfgang Wiechert, Bernhard Freisleben, Albert A. de Graaf, Manfred Grauer)

13:00 Final Remarks

13:15 Lunch

General Remarks: All talks will be in english. An overheadprojector and a beamer will be available. The DFG will pay for the accomodation costs and the meals, but not for the drinks. The latter will be booked to your room. So make sure that you pay the drinks when checking out. If you have any questions please contact Stefan Kurtz at kurtz@techfak.uni-bielefeld.de