

Akademie **Humangenetik**

Eine Einrichtung der Deutschen Gesellschaft
für Humangenetik e.V.

Kursprogramm
Frühjahr/Sommer 2007

Die Akademie Humangenetik ist eine von der bayerischen Landesärztekammer (BLÄK) akkreditierte Fortbildungseinrichtung. Damit ist sie zur Vergabe von Fortbildungspunkten für eigene Veranstaltungen berechtigt, die von allen Landesärztekammern im Zuge der gegenseitigen Anerkennung der Akkreditierung anerkannt werden.

Die Akademie Humangenetik erteilt die Fortbildungspunkte auf dem Hintergrund der derzeit gültigen Kriterien für die Vergabe von Punktwerten.

Unsere Fortbildungskurse werden auch von der Österreichischen Akademie der Ärzte anerkannt, da die BLÄK mit dieser einen Kooperationsvertrag zur gegenseitigen Anerkennung der anrechenbaren Fortbildungspunkte geschlossen hat.

Akademie Humangenetik

eine Einrichtung der
Deutschen Gesellschaft für Humangenetik e.V.

Direktorium

Direktor: Prof. Dr. Tiemo Grimm, Würzburg
Stellvertr. Direktor: Prof. Dr. Peter Wieacker, Magdeburg
Delegierter (GfH): Prof. Dr. Peter Propping, Bonn
Delegierter (BVDH): Prof. Dr. André Reis, Erlangen

Wissenschaftlicher Beirat

Dr. Christine Fischer, Heidelberg
PD Dr. Barbara Fritz, Marburg
Prof. Dr. Gillessen-Kaesbach, Lübeck
Prof. Dr. Christian Kubisch, Köln
PD Dr. Anita Rauch, Erlangen
Prof. Dr. Harald Rieder, Düsseldorf
Prof. Dr. Olaf Riess, Tübingen

GfH-Geschäftsstelle

Kursorganisation
Daniela Günter
Inselkammerstr. 4
82008 München-Unterhaching

Tel. 0049 (0)89-61 45 69 59
Fax 0049 (0)89-55 02 78 56
info@akademie-humangenetik.de

www.akademie-humangenetik.de

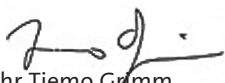
Liebe Kolleginnen
und Kollegen,

mit diesem Flyer möchten wir Sie auf unsere
nächsten Fort- und Weiterbildungskurse im
Frühjahr/Sommer 2007 aufmerksam machen.

Praxisnahe Kurse in Labor und am PC sowie kli-
nisch-theoretische Inhalte stehen dieses Mal in
der ersten Jahreshälfte auf unserem Programm.
Im Herbst/Winter-Programm 2007 wird der
Schwerpunkt unserer Kurse im klinisch-geneti-
schen Bereich liegen. Bei der Zusammenstellung
der Themen 2007 sind wir daher auf die Wünsche
unserer Kursteilnehmer und der Teilnehmer an
unserer Fragebogenaktion eingegangen.

Wir freuen uns, dass wir Ihnen ein sehr interes-
santes Kursprogramm anbieten können, das
sowohl die klinisch tätigen, niedergelassenen als
auch die forschenden Humangenetiker anspre-
chen wird. Ausgewiesene Fachleute werden Ihnen
in den Kursen Grundlagen, Spezialfälle, Tipps und
weiterführende Informationen vermitteln.

Alle Kurse sind von den jeweiligen Landesärzte-
kammern als anerkannte Fortbildungsmaß-
nahmen zertifiziert. Für die Fort- und Weiterbil-
dungsveranstaltungen erhalten Sie die maximale
Fortbildungspunktzahl. Da insbesondere bei unse-
ren Laborkursen die Plätze beschränkt sind, bitten
wir um frühzeitige Anmeldung.



Ihr Tiemo Grimm

2007 | 3. Februar, Heidelberg

K 37-07

Bioinformatische Datenbanken für die Humangenetik

Dozenten

Heiko Runz, Christine Fischer

Lerninhalte

Ergebnisse des Humangenom-Projekts und vieler assoziierter Genomforschungsprojekte werden in eine stetig wachsenden Zahl von anwenderfreundlichen Datenbanken integriert und analysiert, die jedem Benutzer über das Internet frei zur Verfügung stehen. Für humangenetisch tätige Wissenschaftler und Ärzte können Kenntnisse im Umgang mit derartigen Datenbanken zum Verständnis genetisch bedingter Krankheitsbilder von erheblichem Nutzen sein.

Durch diesen Kurs soll die Scheu vor der Verwendung bioinformatischer Datenbanken zur Beantwortung alltäglicher Fragen in humangenetischer Klinik, Diagnostik und Forschung genommen werden. Durch praktische Übungen am PC sollen die Teilnehmer Kenntnisse im gezielten Sammeln von Informationen mittels gängiger Datenbanken erwerben bzw. vertiefen. Ausgehend von ausgesuchten genetischen Krankheitsbildern führen die Teilnehmer nach einer kurzen theoretischen Einführung in die jeweilige Thematik gezielt Recherchen in Literaturdatenbanken (z.B. OMIM,...), Sequenzdatenbanken (z.B. NCBI MapViewer, Ensembl, Genome Browser, HapMap,...) und Proteindatenbanken (z.B. Bioinformatic Harvester,...) durch, um so einen strukturierten Zugang zur angewandten Bioinformatik zu erhalten. Vorausgesetzt werden rudimentäre Computerkenntnisse (z.B. Umgang mit einem Internet-Browser). Auf individuelle, bei der Anmeldung geäußerte Themenwünsche kann gerne eingegangen werden.

Zielgruppe

Wissenschaftlich interessierte Ärzte/Ärztinnen und Naturwissenschaftler/innen in der Weiterbildung bzw. in der Fortbildung.

Zeit: Samstag, 9.00-16.45 Uhr

Veranstaltungsort: Institut für Humangenetik (Genetische Poliklinik) und CiP-Pool, Heidelberg

Unterbringung

erfolgt durch die Teilnehmer selbst

Anmeldeschluss: 17.1.2007

Datenbank-Kurs

Programm

Samstag 3.2.2007

9.00-10.00 Einführung in Bioinformatik-Datenbanken
Literaturdatenbanken

10.00-10.30 Praktische Übungen Literaturdatenbanken

Kaffeepause

11.00-11.45 Sequenzdatenbanken Teil 1

11.45-12.30 Praktische Übungen Sequenzdatenbanken Teil 1

Mittagspause

13.15-14.00 Proteindatenbanken

14.00-14.45 Praktische Übungen Proteindatenbanken

Kaffeepause

15.15-16.00 Sequenzdatenbanken Teil 2

16.00-16.45 Praktische Übungen Sequenzdatenbanken Teil 2

Preise

145,00 € Mitglieder

195,00 € Nichtmitglieder

mit Verpflegung / ohne Übernachtung

K24-07

Methoden zur quantitativen Bestimmung der Gendosis und Genexpression: Die Methode der Real-Time-PCR (TaqMan)

Dozenten

Cornelia Kraus, Christian Thiel

Lerninhalte

Zur Messung der Gendosis und Genexpression, beispielsweise zum Nachweis von Gen-Duplikationen oder Deletionen oder zur Bestimmung der Genexpression einzelner Gene z.B. zur Validierung von Daten aus Microarray-Experimenten, werden zunehmend quantitative PCR-Technologien eingesetzt.

Im theoretischen Teil wird neben den Grundlagen der traditionellen PCR-Produkt-Detektion mittels Elektrophorese, Hybridisierung und anschließender densitometrischer Auswertung auf die experimentellen Grundlagen der immer häufiger angewandten sog. „real-time“- Messverfahren eingegangen, wobei die unterschiedlichen Detektionsverfahren kurz vorgestellt werden. Im Weiteren wird die TaqMan-Methode in Theorie und Praxis ausführlich dargestellt. Primerdesign und die Auswahl der richtigen Detektionssonden sind hier ein zentrales Thema.

Im praktischen Kursabschnitt führen die Kursteilnehmer Experimente zur Gendosisbestimmung und zur Genexpression mit Hilfe der quantitativen „real-time“-PCR-Methode durch. Als Plattform dient der 7900HT (Applied Biosystems). Der Auswertung der Ergebnisse mit Hilfe einer Standardkurve wird die Auswertung mit der $\Delta\Delta$ -Methode gegenüber gestellt. Potenzielle Fehlerquellen und experimentelle Grenzen der vorgestellten Methode werden ausführlich aufgezeigt und diskutiert.

Zielgruppe: Ärzte/Ärztinnen, Naturwissenschaftler/innen, sowie technisches Personal mit Grundkenntnissen in der Molekularbiologie, sowie allgemeiner Laborerfahrung.

Zeit: Samstag, 9.00 bis 16.30 Uhr

Veranstaltungsort: Institut für Humangenetik, Erlangen

Unterbringung

erfolgt durch die Teilnehmer selbst

Anmeldeschluss: 3.3.2007

Real-Time-PCR-Kurs

Samstag 17.3.2007

- 9.00-10:00 Begrüßung
Vorstellung des Programms
Einführung in die verschiedenen
Quantifizierungstechniken
Ausführliche Vorstellung der TaqMan-Methode
- 10:00-11:00 Laborarbeit:
Berechnung und Pipettierung der TaqMan-Assays
Einweisung in die Software am 7900HT und Star-
ten der Analyse
- 11:00-11:30 Kaffeepause
- 11:30-12:30 Grundlagen des Primer- und Sondendesigns mit
Hilfe der PrimerExpress-Software mit praktischen
Übungen am PC
- 12:30-13:30 Mittagspause
- 13:30-14:30 Vorstellung der SDS-Software zur Auswertung der
generierten Daten Besprechung der $\Delta\Delta$ -Methode
- 14:30-14:45 Kaffeepause
- 14:45-16:30 Auswertung der eigenen Daten
Troubleshooting
- 16:30 Ende des Kurses

Preise (incl. Labormaterial)

170,00 € Mitglieder

245,00 € Nichtmitglieder

mit Verpflegung / ohne Übernachtung

2007 | 23.-24. März, Erlangen

K 26-07

Verfahren zum Nachweis von Punktmutationen
und genomischen Deletionen:

Sequenzierung und MLPA

Dozenten

Cornelia Kraus, Arif Ekici

Lerninhalte

Das Hauptaugenmerk in der molekulargenetischen Diagnostik liegt im Nachweis von unbekanntem Mutationen in bekannten, mit bestimmten Krankheitsbildern assoziierten Genen. Mit Hilfe von Screening-Verfahren kann zwar zu einem gewissen Prozentsatz eine schnelle Lokalisation einer Mutation erfolgen, diese Methoden lassen aber keine exakte Aussage über die Veränderung der Nukleinsäure zu. Durch die Methode der DNA-Sequenzierung kann bei der Suche nach unbekanntem Punktmutationen durch Bestimmung der Abfolge der DNA-Sequenz eine Variante exakt nachgewiesen werden. Neben Punktmutationen sind genomische Deletionen, die einzelne Exons oder größere Genabschnitte umfassen, besonders bei Genen mit sehr vielen Exons, ein nicht seltener Mutationsmechanismus. Die Analyse dieser Deletionen durch Methoden, denen eine PCR vorausgegangen ist, ist im heterozygoten Zustand oft nicht möglich. Hierfür sind quantitative PCR-Verfahren notwendig, wobei die MLPA-Methode (Multiplex-Ligation-dependent-Probe-Amplification) immer mehr an Bedeutung gewinnt. Im Rahmen dieses Workshops sollen den Kursteilnehmern die Methoden der direkten Sequenzierung und der MLPA in Theorie und Praxis näher gebracht werden. Als Plattform werden ein ABI3100- und ABI3730-Sequenzierer der Firma Applied Biosystems genutzt. Ein Hauptaugenmerk wird hierbei auf mögliche Fehlerquellen in der Auswertung und Interpretation der Ergebnisse gelegt.

Zielgruppe

Ärzte/Ärztinnen, Naturwissenschaftler/innen, sowie technisches Personal mit Grundkenntnissen in der Molekularbiologie, sowie mit allgemeiner Laborerfahrung.

Zeit: Freitag, 11.15 bis 18.00 Uhr, Samstag, 8.30 bis 16.30 Uhr

Veranstaltungsort: Institut für Humangenetik, Erlangen

Unterbringung: erfolgt durch die Teilnehmer selbst

Anmeldeschluss: 9.3.2007

„Sequenzierung und MLPA“-Kurs

Freitag: 23.03.2007

- 11:15 – 12:00 Begrüßung, Vorstellung des Programms, Proben-
vorbereitung für die Sequenzierung: Vorstellung
der verschiedenen Möglichkeiten der PCR-Aufrei-
nigung
- 12:00-13:30 Laborarbeit: Aufreinigung der PCR-Produkte
Ansatz der Sequenzierreaktion (BDTv3.1
(Applied Biosystems), Start der Sequenzierreaktion
- 13:30-14:30 Mittagspause
- 14:30-15:00 Vorstellung verschiedener Methoden zur
Aufreinigung der Sequenzierreaktion
- 15:00-16:00 Laborarbeit: Aufreinigung der Sequenzierreakti-
onen, sowie beladen des Sequenzierers (ABI 3730)
- 16:15-17:00 MLPA-Methode: Theorie
- 17:00-18:00 Laborarbeit: Bestimmung der DNA-Konzentration
Verdünnung der DNA-Proben, Ansetzen der
Hybridisierungsreaktion

Samstag 24.03.2007

- 08:30-9:30 Laborarbeit: Durchführung der Ligationsreaktion
Ansatz und Start der PCR-Reaktion
- 09:45-11:30 Vorstellung und Demonstration verschiedener
Auswertungs-Software für die MLPA
Troubleshooting
- 11:30-12:30 Mittagspause
- 12:30-13:00 Beladung des Sequenzierers mit den
fertigen MLPA-Ansätzen (ABI 3100)
- 13:00-15:45 Auswertung der Sequenzen vom Vortag mit Hilfe
der Sequencing-Analysis-Software v.5.1.1
(Applied Biosystems)
Troubleshooting
- 16:00-16:30 Auswertung und Besprechung der MLPA-
Ergebnisse der Kursteilnehmer

Preise (incl. Labormaterial)

275,00 € Mitglieder

335,00 € Nichtmitglieder

mit Verpflegung / ohne Übernachtung

2007 | 21. April, Heidelberg

K31-07

Risikoberechnung in Familien – Grundlagen und Beispiele

Dozenten

Christine Fischer, Tiemo Grimm

Lerninhalte

Für genetisch komplexe Krankheiten gibt es Schätzungen von Wiederholungsrisiken aus Familienstudien. Bei monogenen Krankheiten stehen differenziertere Verfahren zur Verfügung. A priori-Wahrscheinlichkeiten für die verschiedenen Genotypen ergeben sich aus dem genetischen Modell und Parametern aus der Population. Mit Hilfe der Bayesschen Formel lassen sich zusätzliche Informationen über den Stammbaum, über gekoppelte Marker oder über z. B. negative FISH-Diagnostik zur Berechnung der a posteriori-Wahrscheinlichkeiten einsetzen. Ziel des Kurses ist es, die Teilnehmer in die Lage zu versetzen, Risiken in typischen Familiensituationen ohne die Zuhilfenahme von Computerprogrammen berechnen zu können. Nach einer gründlichen Auffrischung der Kenntnisse über die elementaren Regeln der Wahrscheinlichkeitsrechnung und deren Anwendung in Familien wird die Methodik anhand von ausgewählten Beispielen erläutert.

Die Teilnehmer können ihre Kenntnisse durch das Lösen von Übungsaufgaben vertiefen. Das Mitbringen von Beispielen aus der Beratungspraxis in den Workshop ist erwünscht. Die Anwendung der Risikoberechnung bei komplexen Krankheiten mit Hilfe von Computerprogrammen wird in einem weiteren Kurs (Risikokurs II am 20.10.2007) angeboten.

Zielgruppe

Der eintägige Workshop wendet sich an Ärzte/Ärztinnen und Biologen/Biologinnen, a) während Weiterbildung zum Facharzt für Humangenetik bzw. zur/zum Fachhumangenetiker(in), b) in der Fortbildung

Zeit: Samstag, 9.00-16.45 Uhr

Veranstaltungsort: Heidelberg

Unterbringung: erfolgt durch die Teilnehmer selbst

Anmeldeschluss: 7.4.2007

Programm

Samstag 21.3.2007

9.00–10.30 Elementare Wahrscheinlichkeitsrechnung,
Benutzung des Bayesschen Rechentableaus

Kaffepause

11.00–12.30 Genetisches Modell
Autosomal dominante Krankheiten
Autosomal rezessive Krankheiten
Zusätzliche diagnostische Informationen

Mittagspause

13.30–15.00 Duchennesche Muskeldystrophie
Geschlechtsspezifische Neumutationsraten
Keimzellmosaik

Kaffepause

15.30–16.45 Übungsaufgaben
und Praxisbeispiele der Teilnehmer

Vorankündigung

Risikokurs II: Risikoberechnungen bei komplexen Erkrankungen
(Schwerpunkt Familien mit Brust- und Eierstockkrebs)

20.10.2007 in Heidelberg

Preise

145,00 € Mitglieder

195,00 € Nichtmitglieder

mit Verpflegung / ohne Übernachtung

2007 | 28. April, Berlin

K28-07

ISCN-Nomenklatur (I):

Grundlagen der ISCN-Nomenklatur und Neuerungen der ISCN2005

Anwenderworkshop

Dozenten

Holger Tönnies, Lana Harder

Lerninhalte

In der täglichen Routinezytogenetik aber auch in der wissenschaftlichen Literatur ist die korrekte Anwendung der ISCN-Nomenklatur von grundlegender Bedeutung. Im Rahmen dieses Grundlagenkurses soll schrittweise die Anwendung der Nomenklatur für die konventionelle, Tumor- und molekulare Zytogenetik unter Verwendung einer Reihe von vorgestellten und mitgebrachten Anwendungsbeispielen gemeinsam erarbeitet werden.

Besondere Beachtung finden vor allem natürlich die Neuerungen der ISCN2005 (International System for Human Cytogenetic Nomenclature), so dass das Ziel darin besteht, korrekte ISCN-Formeln für Befunde zu erstellen.

Zielgruppe

Der eintägige Workshop wendet sich an alle zytogenetisch Tätigen! Dazu zählen sowohl Diplomanden/innen, Doktoranden/innen, als auch technische Assistenten/innen und interessierte Ärzte/innen und Naturwissenschaftler/innen in der Weiterbildung

Zeit

Samstag, 10.00-17.00 Uhr

Veranstaltungsort

Harnack-Haus,
Tagungsstätte der Max-Planck-Gesellschaft,
Berlin-Dahlem

Unterbringung

Hotel und Gästehaus dort vorhanden

Anmeldeschluss: 14.4.2007

Programm

Samstag 28.4.2007

- 10.00-10.15 Einführung, Kurze Vorstellung
- 10.15-10.45 Historie Zytogenetik und ISCN, Chromosom, Aufbau des ISCN, Neuerungen
- 10.45-11.30 Konventionelle Zytogenetik, Grundregeln, Formelaufbau, num. struk. aberr., Hertomorphismen (incl. Befundrelevanz), Neocentromere

Kaffeepause

- 11.45-12.30 Nomenklaturanwendungen anhand konventionell zytogenetischer Beispiele (Workshop/QUIZ)

Mittagspause

- 13.30-14.15 Molekulare Zytogenetik. Methodenvorstellung, Nomenklatur Subtelomer FISH, dim und enh, M-FISH, PCB, CGH, array CGH
- 14.15-15.15 Neoplasia, Clonal Evolution, Stemline, Single Fusion Probes, Dual Fusion, Break apart, Kombination, Zytogenetik und molekulare Zytogenetik in der Nomenklatur

Kaffeepause

- 15.30-16.15 Nomenklaturanwendung anhand tumorgenetischer Beispiele (Workshop / QUIZ)
- 16.15-17.00 Auswertung, Diskussion, Eigene Fälle, Schlussfolgerungen und Verabschiedung

Preise

165,00 € Mitglieder
200,00 € Nichtmitglieder
mit Verpflegung / ohne Übernachtung

60,00 € Übernachtung und Frühstück im EZ
(Buchung über die Akademie Humangenetik)

2007 | 19. Mai, Berlin

K25-07

Chromosomale und molekulargenetische Mosaik in der Post- und Pränataldiagnostik

Dozenten

Rolf Wegner, Tiemo Grimm

Lerninhalte

Die Erkennung zytogenetischer und molekulargenetischer Mosaik ist immer eine Herausforderung für den in der Diagnostik tätigen Humangenetiker. Von nicht geringerer Bedeutung sind die Interpretation der Befunde und die Weitergabe der Informationen an Ratsuchende im Rahmen einer genetischen Beratung. Darüber hinaus geben die Daten zu Mosaiken als Ergebnis pränataler Diagnostik grundlegende Einblicke in die genetische Variabilität des Embryos bzw. des Feten.

Der Kurs ist zum einen als praktische Hilfe für Kollegen in der Diagnostik und in der genetischen Beratung gedacht. Zum anderen werden Grundlagen vermittelt, die für Mediziner bzw. Naturwissenschaftler in der Ausbildung zum Facharzt für Humangenetik bzw. Fachhumangenetiker von Bedeutung sind.

Die Diskussion von Fallbeispielen aus dem Teilnehmerkreis kann nach Voranmeldung vorgesehen werden.

Zielgruppe

Fachärzte für Humangenetik, Fachhumangenetiker; Ärzte/Naturwissenschaftler in Weiterbildung bzw. Fortbildung zum Facharzt für Humangenetik/Fachhumangenetiker.

Zeit

Samstag, 9.30-16.30

Veranstaltungsort

Zentrum für Pränataldiagnostik
Kurfürstendamm 199
10719 Berlin

Unterbringung

erfolgt durch die Teilnehmer selbst

Anmeldeschluss: 5.5.2007

Kurs: Mosaik, prä- und postnatal

Programm

Samstag 19.5.2007

9.30-9.45 Begrüßung

9.45-10.30 Zytogenetische Mosaik
Grundlagen
Diagnostische und prognostische Probleme

Kaffeepause

11.00-12.30 Zytogenetische Mosaik
Fallbeispiele
Vorgehen beim Auftreten von Mosaiken
und genetische Beratung

Mittagspause

13.00-14.30 Zytogenetische Mosaik
Übungen

Kaffeepause

15.00-16.30 Molekulargenetische Mosaik:
Keimzellmosaik
Übungen

Preise

145,00 € Mitglieder

195,00 € Nichtmitglieder

mit Verpflegung / ohne Übernachtung

2007 | 22.-23. Juni, Tübingen

K23-07

Copy Number-Analysen mit Hilfe von High Density SNP-Microarrays

Dozenten

Michael Bonin, Andreas Dufke

Lerninhalte

Copy Number-Variationen erlangen stetig an Bedeutung und können inzwischen mit einer Reihe von whole genome-Microarrays sehr detailliert untersucht werden. Der Kurs wird den Teilnehmern die Prozessierung eines solchen Microarrays sowie dessen Auswertung und Analyse in der Praxis näher bringen. Dabei werden ebenso die Probleme mit Heteromorphismen wie auch Grenzen der Technologie diskutiert. Weiterhin sollen gemeinsame Kriterien erarbeitet werden, die eine Überführung dieser Technologie in die Diagnostik erlauben. Dieser Kurs versteht sich als Praktikum, bei dem die Teilnehmer selbst für die Prozessierung der Proben sowie deren Auswertung verantwortlich sind. Alle Programmpunkte verlaufen unter Anleitung von schulungserfahrenem Personal.

Zielgruppe

Wissenschaftlich und diagnostisch interessierte Ärzte/Ärztinnen und Naturwissenschaftler/innen in der Weiterbildung bzw. in der Fortbildung

Teilnehmerbeschränkung

Bitte beachten Sie:

Die Teilnahme ist auf acht Kursteilnehmer beschränkt.
Die Annahme erfolgt nach der Reihenfolge der Anmeldungen.

Zeit

Freitag, 8.00-18.00

Samstag, 8.00-18.00 Uhr

Veranstaltungsort

Institut für Humangenetik
Calwerstr. 7
72076 Tübingen

Unterbringung

erfolgt durch die Teilnehmer selbst

Anmeldeschluss: 8.6.2007

Kurs: SNP-Mikroarray

Freitag, 22.06.2007

- 8.00-10.00 Theoretische Einführung
in die Microarray-Technologie
- 10.00-12.00 Prozessierung der genomischen DNA
für die SNP-Arrays (Praktischer Teil 1)
- Mittagspause
- 13.00-15.00 Prozessierung der genomischen DNA
für die SNP-Arrays (Praktischer Teil 2)
- 15.00-17.00 Mikrodeletion und Duplikation
in der Humangenetik
- 17.00-18.00 Hybridisierung der DNA auf humane SNP-Arrays
(Praktischer Teil 3)

Samstag, 23.06.2007

- 8.00-10.00 Theoretische Einführung in die Detektion
von Mikrodeletionen und Duplikation mit Hilfe
von SNP-Arrays
- 10.00-12.00 Färben, Waschen, Scannen der SNP-Arrays
(Praktischer Teil 4)
- Mittagspause
- 13.00-15.00 Datenanalyse der zwei unabhängigen Fälle
mit Hilfe von verschiedener Software-Tools
(Praktischer Teil 5)
- 15.00-17.00 Probleme der Befundung von Hochdurchsatz-
analyseergebnissen in der Humangenetik
- 17.00-18.00 Zusammenfassung und Ausblick zukünftiger
Möglichkeiten der Mikroarray-Technologie

Preise (incl. 450 Euro Materialgebühren für Verwendung der Mikroarrays)

740,00 € Mitglieder
840,00 € Nichtmitglieder

mit Verpflegung / ohne Übernachtung

2007 | September, Marburg

K 27-07 Grundkurs Zytogenetik
Barbara Fritz, Jürgen Kunz

2007 | Oktober, Berlin

K29-07 ISCN-Nomenklatur Aufbaukurs (II) – Neuerungen im ISCN 2005
und die schriftliche Befunderstellung in der zytogenetischen Diagnostik
Holger Tönnies, Lana Harder, Markus Stumm

2007 | 5.-6. Oktober, Heidelberg

K33-07 Genetische Stoffwechselerkrankungen
Johannes Zschocke, Martin Lindner,
Dorothea Haas, Stefan Kölker

2007 | 20. Oktober, Heidelberg

K32-07 Risikoberechnungen bei komplexen Erkrankungen
(Schwerpunkt Familien mit Brust- und Eierstockkrebs) Risikokurs II
Christine Fischer, Tiemo Grimm

2007 Weitere Kurse

K34-07 Tumorzytogenetik (Harald Rieder et al.)

K35-07 Syndromkurs (Gabriele Gillessen-Kaesbach, Peter Meinecke)

K36-07 Kurs: Hauterkrankungen (Roland Kruse)

Für diese Kurse ist eine Anmeldung nur unter www.akademie-humangenetik.de möglich.

Teilnahmebedingungen

Anmeldung

Die Anmeldung wird mit Eingang bei der Akademie verbindlich. Sie erhalten eine Anmeldebestätigung. Alle weiteren Unterlagen für den jeweiligen Kurs erhalten Sie nach der Anmeldung.

Absage/Abmeldung

Eine Verpflichtung zur Durchführung von Kursen besteht nicht. Die Akademie Humangenetik ist berechtigt, jederzeit Kurse bei nicht ausreichender Teilnehmerzahl abzusagen. Im Falle einer solchen Absage ist die Akademie zur Erstattung der bereits bezahlten Kursgebühren verpflichtet. Ein weitergehender Anspruch der Kursteilnehmer ist ausgeschlossen; etwa erfolgt weder Kostenerstattung aufgrund evtl. Rücktritts von gebuchten Reisetickets bzw. Hotelzimmern noch kann Verdienstausschlag geltend gemacht werden. Ein Wechsel des Referenten berechtigt den Teilnehmer nicht zum Rücktritt vom Vertrag. Die Kursabsage durch die Akademie Humangenetik erfolgt schriftlich. Die Abmeldung durch den Teilnehmer muss schriftlich erfolgen. Liegt der Akademie Humangenetik Ihre Kursabsage vor, bevor die Anmeldebestätigung versandt wurde, fällt keine Bearbeitungsgebühr an. Für die Abmeldung eines Kursteilnehmers nach Zugang der Anmeldebestätigung fallen Stornierungsgebühren an. Bei **eintägigen Kursen** gilt folgende Staffel: Bis 14 Tage vor Kursbeginn werden von der Teilnahmegebühr 10% einbehalten bzw. sofern noch nicht bezahlt, berechnet. Erfolgt die Abmeldung weniger als 14 Tage vor Kursbeginn werden 30% der Kursgebühr von der Teilnahmegebühr einbehalten bzw. sofern noch nicht bezahlt, berechnet. Erscheint ein Teilnehmer nicht zum Kurs, ohne sich nicht mindestens 24 Stunden vorher abgemeldet zu haben, werden 50% der Teilnahmegebühr einbehalten bzw. in Rechnung gestellt. Bei **mehrtägigen Kursen** gilt folgende Staffel: Bis 6 Wochen vor Kursbeginn werden von der Teilnahmegebühr 10% einbehalten bzw. sofern noch nicht bezahlt, berechnet. Erfolgt die Abmeldung weniger als 4 Wochen vor Kursbeginn werden 50% der Kursgebühr von der Teilnahmegebühr einbehalten bzw. sofern noch nicht bezahlt, berechnet. Erscheint ein Teilnehmer nicht zum Kurs, ohne sich nicht mindestens 24 Stunden vorher abgemeldet zu haben, werden die gesamten Teilnahmegebühren in Rechnung gestellt. Dem Teilnehmer steht offen, eine geeignete Ersatzperson zu finden; wird der Kursplatz auf diese Weise durch Vermittlung des absagenden Teilnehmers besetzt, verzichtet die Akademie Humangenetik auf die Stornierungsgebühren.

Haftung

Für Personen- oder Sachschäden, die einem Teilnehmer im Zusammenhang mit dem Seminarbesuch entstehen, wird keinerlei Haftung übernommen. Gerichtsstand und Erfüllungsort ist München.

2007 Kurs-Anmeldung

per Fax +49-89-55 02 78 56

Bitte füllen Sie für jeden Kurs eine getrennte Anmeldung aus
oder: nutzen Sie unsere Online-Anmeldung unter:

www.akademie-humangenetik.de

Hiermit melde ich mich verbindlich an zum Kurs

mit dem Titel _____

(K__ -07) am __. __. __ in _____

Preis _____ €

Persönliche Daten und Anschrift

Name _____

Vorname _____ Titel _____

Institut/Praxis _____

Abteilung _____

Straße _____

PLZ _____ Ort _____

Tel _____ Fax _____

Email _____

Mitglied: GfH ja__nein__ BVDH ja__nein__

ÖGH ja__nein__ SGMG ja__nein__

MTA/CTA/BTA ja__nein__ Student ja__nein__

Techn. Assistenten und Studenten erhalten die Preise für
Mitglieder. Die Teilnahmebedingungen und die Preise der
Veranstaltung (laut Programm) habe ich zur Kenntnis
genommen.

Datum _____ Unterschrift _____

Akademie Humangenetik
eine Einrichtung der Deutschen Gesellschaft für Humangenetik e.V.

Direktoren: Prof. Dr. Tiemo Grimm
Prof. Dr. Peter Wieacker

GFH-Geschäftsstelle
Inselkammerstr. 4
82008 München-Unterhaching
www.akademie-humangenetik.de
info@akademie-humangenetik.de

Akademie Humangenetik
Kursorganisation
z.H. Daniela Günter
Inselkammerstr. 4
82008 München-Unterhaching