

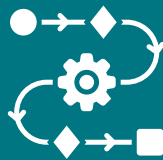
Standardisierte, vergleichbare und reproduzierbare Omics-Workflows für die Forschungsgemeinschaft.

<https://www.ghga.de/de/materialien/datenanalyse>



Kuratieren bewährter Verfahren

In enger Zusammenarbeit mit der nf-core-Gemeinschaft verbessern wir bestehende Workflows und entwickeln Best-Practices für Reproduzierbarkeit und Zuverlässigkeit.



Verfügbare Workflows

Variantenbestimmung:
Somatische und Keimbahn-
Variantenbestimmung,
allelspezifische
Kopienzahlenschätzung
RNA-Seq: Long Read, Bulk- und
Einzelzellanalyse, RNA-Analysen
für seltene Erkrankungen.



Benchmarking

Der kontinuierliche Vergleich anhand bekannter Standards ist entscheidend für die Präzision und Zuverlässigkeit von Workflows. GHGA unterstützt Initiativen wie NCBench für das Benchmarking genomischer Variantenbestimmung.

GHGA Workflows sind öffentlich verfügbar und können von Nutzer*innen selbständig und lokal genutzt werden.

AKTUELL

ZUKUNFT

In späteren Phasen werden wir Verarbeitungsmöglichkeiten über unsere Datenknoten (GHGA Atlas) oder in einer sicheren Verarbeitungsumgebung (GHGA SPE) zur Verfügung stellen.

Abonnieren Sie unseren **Newsletter**, um über neue verfügbare Workflows informiert zu werden.

