

**Tuesday, March 13, 2012**

Time	Haus Grashof, Beuth Saal (C16)	Haus Bauwesen, H1 (D 101)	Haus Bauwesen, H2 (D 102)	Haus Bauwesen, H3 (D 117)	Haus Bauwesen, H5 (D 136)
11:00 – 11:30	<b>Opening Ceremony</b>				
11:30 – 12:30	<b>Opening Lecture</b> Chair: Iris Pigeot, Ronja Foraita Keynote Kevin R. Coombes <b>Cell Lines, Chemotherapy Response, and the Need for Reproducible Research</b>				
12:30 – 14:00	Lunch Break				
14:00 – 15:30	<p><b>KS 1: Unbiased Estimation and Clinical Relevance in Clinical Trials</b></p> <p>Chair: Joachim Röhmel</p> <p><b>Adjusting for Selection Bias in Single-Blinded Randomized Controlled Clinical Trials</b> Kennes, Lieven</p> <p><b>Nachweis statistischer Signifikanz und klinischer Relevanz beim Vergleich von Überlebenszeiten</b> Gondan, Matthias; Kieser, Meinhard</p> <p><b>The (Little) Need for and the (Large) Impact of Post Hoc Application of Formal Criteria to Check Clinical Relevance in Well Conducted RCTs</b> Vach, Werner; Beryl, Primrose</p> <p><b>Bewertung von Evidenz nach GRADE in der frühen Nutzenbewertung von Medizinprodukten</b> Vonthein, Reinhard; Ziegler, Andreas</p>	<p><b>Bioinformatik 1</b></p> <p>Chair: Tim Beissbarth, Holger Fröhlich</p> <p><b>Integrative Analysis of Breast Cancer: Dissecting Heterogeneity in Samples and Signals</b> Markowetz, Florian (IS)</p> <p><b>Hidden Markov Models for the Modeling of Branching Processes: Analysis of Single Cell Fluorescence Microscopic Time Lapse Movies</b> Tresch, Achim; Failmezger, Henrik</p> <p><b>Automated Classification of Cell Populations with Multi-Channel Flow Cytometry Data – Challenges in Mapping a Sparsely Populated Data Space</b> Nietert, Manuel; Wagner, Steve</p> <p><b>Survival Models with Preclustered Gene Groups as Covariates</b> Kammers, Kai; Lang, Michel; Hengstler, Jan G.; Schmidt, Marcus; Rahnenführer, Jörg</p>	<p><b>Confounder-Kontrolle in Beobachtungsstudien</b></p> <p>Chair: Ronja Foraita, Jürgen Wellmann</p> <p><b>Inferring Effects of Dynamic Treatments from Observational Data</b> Didelez, Vanessa (IS)</p> <p><b>Counteracting Bias when Analysing Rare Binary Outcome: Experiences from Prospective Cohort Studies of Pregnancy</b> Allignol, Arthur; Meister, Reinhard</p> <p><b>Zwei-Phasen Designs zur Berücksichtigung zusätzlicher Confounder-Information in pharmakoepidemiologischen Datenbankstudien</b> Behr, Sigrid; Schill, Walter; Pigeot, Iris</p> <p><b>A Discussion of Estimators of the Odds Ratio</b> Drake, Christiana; Loux, Travis</p>	<p><b>Nichtparametrische Statistik 1</b></p> <p>Chair: Markus Neuhäuser</p> <p><b>The Wild Bootstrap for the Aalen-Johansen Estimator of the Cumulative Incidence Function of a Competing Risk</b> Di Termini, Susanna; Beyersmann, Jan; Paulv Markus</p> <p><b>Resampling methods for paired data</b> Pauly, Markus (IS); Konietzschke, Frank</p> <p><b>Various Approaches for the Comparison of Two Diagnostic Tests Regarding Sensitivity and Specificity</b> Rieck, Daniela; Zapf, Antonia</p> <p><b>Resampling Verfahren für Konfidenzintervalle</b> Konietzschke, Frank</p>	<p><b>Validierung 1</b></p> <p>Chair: Anne-Laure Boulesteix</p> <p><b>Reproducible Computational Research: A Perspective</b> Eugster, Manuel</p> <p><b>Validating Statistical Algorithms on High Performance Computing Clusters - Methods</b> Bischi, Bernd; Lang, Michel; Mersmann, Olaf; Rahnenführer, Jörg; Weihs, Claus</p> <p><b>Validating Statistical Algorithms on High Performance Computing Clusters - Applications</b> Lang, Michel; Bischi, Bernd; Rahnenführer, Jörg</p> <p><b>Integration of (Epi-)Genomic and Gene Expression Data in Bayesian Variable Selection Models: Investigating the Influence of Model Setup and Priors</b> Zucknick, Manuela; Pfister, Stefan; Benner, Axel</p>
15:30 – 16:00	Coffee Break				

Time	Haus Grashof, Beuth Saal (C16)	Haus Bauwesen, H1 (D 101)	Haus Bauwesen, H2 (D 102)	Haus Bauwesen, H3 (D 117)	Haus Bauwesen, H5 (D 136)
16:00 – 17:30	<p><b>KS 2: Sample Size</b></p> <p>Chair: Christoph Gerlinger</p> <p><b>Auswertung und Fallzahlberechnung in Dosis-Findungs-Studien mit aktiver Kontrolle</b></p> <p>Helms, Hans-Joachim; Benda, Norbert; Friede, Tim</p> <p><b>Robustheit verschiedener Ansätze zur verblindeten Fallzahlanpassung für klinische Studien mit Zähldaten</b></p> <p>Schneider, Simon; Schmidli, Heinz; Friede, Tim</p> <p><b>Evaluation of Sample Size Adaptation Rules in Clinical Studies Aiming at an Overall Performance Optimization</b></p> <p>Englert, Stefan; Kieser, Meinhard</p>	<p><b>Bioinformatik 2</b></p> <p>Chair: Achim Tresch, Klaus Jung</p> <p><b>Using Random Forests for Probability Estimation</b></p> <p>Kruppa, Jochen</p> <p><b>Sparse Principal Component Analysis using Stability Selection</b></p> <p>Sill, Martin; Benner, Axel</p> <p><b>Graph Based Fusion of miRNA and mRNA Expression Data</b></p> <p>Gade, Stephan, Porzelius, Christine, Fälth; Maria, Brase; Jan C.; Wuttig, Daniela; Kuner, Ruprecht; Binder, Harald; Sültmann, Holger; Beißbarth, Tim</p> <p><b>Joint Bayesian Inference of Condition Specific miRNA and Transcription Factor Activities from Combined Gene and microRNA Expression Data</b></p> <p>Zacher, Benedikt; Abnaof, Khalid; Gade, Stephan; Younesi, Erfan; Tresch, Achim,;Fröhlich, Holger</p>	<p><b>Didaktik</b></p> <p>Chair: Geraldine Rauch</p> <p><b>Lohnt sich der Einsatz von aktivierenden Methoden bei der Biometrieausbildung von Studierenden der Molecular Life Science? Ein randomisierter, kontrollierter Vergleich</b></p> <p>Hemmelmann, Claudia; Ziegler, Andreas</p> <p><b>Haribo macht Dozenten froh und Studenten ebenso</b></p> <p>Kunz, Cornelia Ursula (IS); Rauch, Geraldine</p> <p><b>Statistik für Anwender - Die Quadratur des Kreises?</b></p> <p>Hasler, Mario</p> <p><b>Grundbegriffe, Verständnis, Methodenanwendung - Wieviel Mathematik braucht eine Biometrie für Nichtbiometriker?</b></p> <p>Merkel, Hubert</p>	<p><b>Nichtparametrische Statistik 2</b></p> <p>Chair : Frank Konietzschke</p> <p><b>The Problem of Zero Inflated Datasets: Comparing Test Procedures within an Application in Parasitology</b></p> <p>Zeimet, Ramona; Ruddat, Inga; Kreienbrock, Lothar</p> <p><b>Analytic Tools for Modelling Phenotypic Variation in Agricultural Experiments</b></p> <p>Schnabel, Sabine; Eilers, Paul; van Eeuwijk, Fred</p> <p><b>A Bivariate Cumulative Probit Model for the Analysis of Neuronal Data</b></p> <p>Furche, Julia; Kneib, Thomas; Kretzberg, Jutta</p> <p><b>Ein Algorithmus zur Bestimmung der Regressionsfunktion in Modellen mit monotoner Regressionsfunktion und ordinalskaliert abhaengeriger Variablen</b></p> <p>Krumm, Bertram</p>	<p><b>Validierung 2</b></p> <p>Chair : Martin Schumacher</p> <p><b>Validierung in Genetischen Assoziationsstudien</b></p> <p>König, Inke R.</p> <p><b>Generalization of Biomedical Results – from Iterative Validation to Meta-Analysis</b></p> <p>Rahnenführer, Jörg</p> <p><b>Added Predictive Value of High-Throughput Molecular Data to Clinical Data, and its Validation</b></p> <p>Boulesteix, Anne-Laure; Sauerbrei, Willi</p> <p><b>Stability Investigations of Multivariable Regression Models Derived from Low and High Dimensional Data</b></p> <p>Sauerbrei, Willi; Boulesteix, Anne-Laure; Binder, Harald</p>
17:30 - 19:00	<b>Poster and Wine (Beuth Halle)</b>				

Wednesday, March 14, 2012

Time	Haus Grashof, Beuth Saal (C16)	Haus Bauwesen, H1 (D 101)	Haus Bauwesen, H2 (D 102)	Haus Bauwesen, H3 (D 117)	Haus Bauwesen, H5 (D 136)
09:00 – 10:30	<p><b>KS 3: Zusatznutzen gemäss AMNOG</b></p> <p>Chair: Joachim Röhmel</p> <p><b>Statistische Herleitung einer Responder-Definition für die Reduktion von Hitzewallungen</b> Gerlinger, Christoph; Hiemeyer, Florian; Schmelter, Thomas</p> <p><b>Zusatznutzen: Wie wird das Ausmaß bei der Nutzenbewertung quantifiziert?</b> Hauschke, Dieter</p> <p><b>Überblick und Vergleich von Methoden zur Bewertung der klinischen Relevanz von Studienergebnissen</b> Kieser, Meinhard</p> <p><b>Bestimmung des Ausmaßes des Zusatznutzen in der frühen Nutzenbewertung- erste Beispiele</b> Leverkus, Friedhelm</p>	<p><b>Survival 1</b></p> <p>Chair: Jan Beyersmann</p> <p><b>Regression Modeling of the Cumulative Incidence Function with Missing Causes of Failure Using Pseudo-Observations</b> Latouche, Aurelien (IS); Moreno-Betancur, Margarita</p> <p><b>Log-normal Frailty Models Fitted as Poisson Generalized Linear Mixed Models</b> Hirsch, Katharina; Wienke, Andreas; Kuß, Oliver</p> <p><b>A Modelling Strategy to Analyse 1-Year Survival in a Cohort of Patients with Severe Cutaneous Adverse Reactions (SCARs)</b> Sekula, Peggy; Schumacher, Martin; Mockenhaupt, Maja</p> <p><b>Time-to-Event Data: A Different Angle by Population Evolution Charts And New Statistical Tests</b> Moecks, Joachim; Koehler, Walter</p>	<p><b>Young Statisticians</b></p> <p>Chair: Tina Müller, Benjamin Hofner</p> <p><b>Segmentation of Fluorescence Microscopy Time Series</b> Herrmann, Sabrina; Ickstadt, Katja; Fried, Roland; Schäfer, Martin; Verveer, Peter; Thorwirth, Franziska</p> <p><b>Model-Based Recursive Partitioning in Cox's Proportional Hazards Model with Adjustment for Measurement Error</b> Birke, Hanna</p> <p><b>Comparing Biodiversity by Simultaneously Testing a User-Defined Selection of Diversity Indices</b> Pallmann, Philip</p> <p><b>Auswahl einer Teststatistik für genetische Assoziation in Fall-Kontroll-Studien</b> Holste, Theresa</p> <p><b>Eine Methode Zur Charakterisierung von Randomisierungsverfahren</b> Malsch, Carolin</p>	<p><b>Nichtklinische Statistik 1</b></p> <p>Chair: Richard Vonk</p> <p><b>Bayesian Nonparametric Learning from High-Dimensional Data</b> Dunson, David (IS, 40 Min.)</p> <p><b>Model Selection Procedures under Order Restriction - An Alternative to Related Multiple Test Procedures?</b> Hothorn, Ludwig; Kuiper, Rebecca</p> <p><b>Quantitative Assessment of Interactions Between Biologically Active Agents</b> Stanzel, Sven; Bayer, Helene</p>	<p><b>Hochdimensionale Globaltests 1</b></p> <p>Chair: Edgar Brunner, Klaus Jung</p> <p><b>Relaxing the Null Hypothesis of Global Tests</b> Goeman, Jelle (IS)</p> <p><b>Multivariate Tests of Marginal Effects in General Models and Arbitrary Dimension</b> Meister, Reinhard</p> <p><b>Global Testing for Complex Ordinal Data</b> Jelizarow, Monika; Mansmann, Ulrich</p> <p><b>Simulation of High-Dimensional Categorical Data</b> Mansmann, Ulrich; Jelizarow, Monika</p>
10:30 – 11:00	Coffee Break				

Time	Haus Grashof, Beuth Saal (C16)	Haus Bauwesen, H1 (D 101)	Haus Bauwesen, H2 (D 102)	Haus Bauwesen, H3 (D 117)	Haus Bauwesen, H5 (D 136)
11:00 – 12:30	<p><b>KS 4: Clinical Trial Statistics and Beyond: From a Statistician to a Drug Developer</b></p> <p>Chair: Vivian Lanius</p> <p><b>Framing a Problem</b> Burman, Carl-Fredrik (IS)</p> <p><b>The Evolving Role of Statisticians in Drug Development</b> Heimann, Guenter</p> <p><b>Comparing Recruitment Strategies by Discrete Event Simulation</b> Kulmann, Hermann; Siedentop, Harald</p> <p><b>Estimation of Treatment Effects in Adaptive Clinical Trials</b> Glimm, Ekkehard</p>	<p><b>Survival 2</b></p> <p>Chair: Andreas Wienke</p> <p><b>Multiple Time Scales in Modelling the Incidence of Hospital Infections</b> Wolkewitz, Martin; Cooper, Ben; Barnett, Adrian; Di Termini, Susanna; Alvarez-Lerma, Francisco; Olaechea, Pedro; Palomar, Mercedes; Schumacher, Martin</p> <p><b>Incubation Period and Back Projection for the EHEC O104:H4 Outbreak in Germany, 2011</b> Höhle, Michael; Wadl, Maria</p> <p><b>Correlated Infections: Quantifying Individual Heterogeneity in the Spread of Infectious Diseases</b> Unkel, Steffen; Farrington, C. Paddy; Whitaker, Heather J.; Pebody, Richard</p> <p><b>Fitting Bivariate Event Times with the Correlated Frailty Model</b> Pietzner, Diana; Wienke, Andreas</p>	<p><b>Cloud Computing</b></p> <p>Chair: Harald Binder</p> <p><b>Parallel Computing at the IMBE Erlangen Infrastructure, Solutions and Applications</b> Potapov, Sergej; Adler, Werner</p> <p><b>Application of Microarray Analysis on Computer Cluster and Cloud Platforms</b> Bernau, Christoph</p> <p><b>Kosten und Nutzen einer Public Cloud für eine Biometrie-Abteilung, illustriert an einem Permutationsansatz</b> Knaus, Jochen</p> <p><b>Cloud Computing für die Lebenswissenschaften mit cloudnumbers.com</b> v. Petersdorff-Campen, Moritz</p>	<p><b>Nichtklinische Statistik 2</b></p> <p>Chair: Ludwig Hothorn</p> <p><b>A Unified Framework for Benchmark Dose Estimation Applied to Model Averaging and Mixed Models</b> Ritz, Christian (IS); Gerhard, Daniel; Hothorn, Ludwig A. (35 Min.)</p> <p><b>Recent Advances in the Analysis of Comet Assay Data</b> Geys, Helena Margareta (IS, 35 Min.)</p> <p><b>Stochastic Modeling, Simulation and Statistical Analysis of Drug Interactions in Combination Therapies for Chronic Hepatitis C</b> Chung, Tje Lin; Herrmann, Eva</p>	<p><b>Hochdimensionale Globaltests 2</b></p> <p>Chair : Jelle Goeman, Ulrich Mansmann</p> <p><b>Modified Huynh-Feldt Correction for Unequal Covariance Matrices</b> Placzek, Marius; Brunner, Edgar</p> <p><b>Global Testing on Incomplete Expression Profiles from Gel-Based Proteomics Experiments</b> Jung, Klaus</p> <p><b>High- and Low-Dimensional Global Tests for Repeated Measures</b> Brunner, Edgar; Ellenberger, David</p> <p><b>High- and Low-Dimensional Repeated Measures: Improved Approximations</b> Ellenberger, David</p>
12:30 – 14:00	Lunch Break	<p><b>Podiumsdiskussion</b> "Quo vadis - Biometrieförderung der DFG"</p>			

Time	Haus Grashof, Beuth Saal (C16)	Haus Bauwesen, H1 (D 101)	Haus Bauwesen, H2 (D 102)	Haus Bauwesen, H3 (D 117)	Haus Bauwesen, H5 (D 136)
14:00 – 15:30	<p><b>Verleihung der Nachwuchspreise der IBS-DR</b></p> <p>Chair: Katja Ickstadt</p>		<p><b>Analytische Modelle in der Medizin</b></p> <p>Chair : Willi Sauerbrei</p> <p><b>Anwendung von Hotelling's T<sup>2</sup>-Statistik zum Vergleich von zwei diagnostischen Tests in Meta-Analysen</b> Beckmann, Lars; Sieben, Wiebke; Bender, Ralf</p> <p><b>Multivariable fraktionelle Polynome für korrelierte abhängige Variablen unter der Verwendung von verallgemeinerten Schätzgleichungen</b> Vens, Maren; Stolpmann, Jördis; Hemmelmann, Claudia; Ziegler, Andreas</p> <p><b>Modeling Continuous Predictors with a 'Spike' at Zero: Issues in Univariate and Multivariable Model Building with Procedures Based on Fractional Polynomials</b> Jenkner, Carolin; Lorenz, Eva; Becher, Heiko; Sauerbrei, Willi</p> <p><b>Information Approximations and Experimental Designs in Nonlinear Mixed Effects Models</b> Mielke, Tobias</p>	<p><b>Genetische Statistik</b></p> <p>Chair: Inke König, Norbert Reinsch</p> <p><b>Genetic Additive and Dominance Effects on Bovine Milk Metabolites</b> Wittenburg, Dörte; Melzer, Nina; Repsilber, Dirk; Reinsch, Norbert</p> <p><b>Evaluating Componentwise Boosting for SNP Data from a Clinical Cohort Study</b> Hieke, Stefanie; Benner, Axel; Schlenk, Richard F.; Schumacher, Martin; Bullinger, Lars; Binder, Harald</p> <p><b>Detection of Single Nucleotide Variations in Proteomic Mass Spectrometry Data</b> Giese, Sven; Zickmann, Franziska; Renard, Bernhard</p> <p><b>Explicit Calculation of the Mean Summary Statistic's Joint Null Distribution in a Toy Case Gene Set Test</b> Fuchs, Mathias</p>	
15:30 – 16:00	Coffee Break				
16:00 – 18:00	<b>IBS-DR General Assembly</b>				
19:00 - ...	<b>Conference Dinner (Invalidenstr. 42, Thaersaal)</b>				

Time	Haus Bauwesen, D E37
11:00 - 15:00	<p><b>Schülersession</b></p> <p>Chair: Geraldine Rauch, Barbara Peil</p>

**Thursday, March 15, 2012**

Time	Haus Grashof, Beuth Saal (C16)	Haus Bauwesen, H1 (D 101)	Haus Bauwesen, H2 (D 102)	Haus Bauwesen, H3 (D 117)	Haus Bauwesen, H5 (D 136)
09:00 – 10:30	<p><b>KS 5: Non-Inferiority Trials and Multiple Testing</b></p> <p>Chair: Werner Brannath, Joachim Röhmel</p> <p><b>Choice of Non-Inferiority Margin: Current Practices and Their Impact on the Risk to Accept Inferior Treatments</b> Beryl, Primrose; Vach, Werner</p> <p><b>Tests and Sample Size Calculations for Non-Inferiority Trials with Poisson Distributed Count Data</b> Stucke, Kathrin; Kieser, Meinhard</p> <p><b>Group Sequential Designs for Three-Arm 'Gold-Standard' Non-Inferiority Trials</b> Schlömer, Patrick; Brannath, Werner</p> <p><b>Adjusting for Multiple Testing by Using Multivariate Meta-Analysis and Closed Testing Procedures</b> Großelfinger, Robert; Bender, Ralf</p>	<p><b>Gemischte Modelle in Landwirtschaft und Medizin 1</b></p> <p>Chair: Hans-Georg Schön</p> <p><b>On the Akaike Information Criterion and Mixed Models</b> Greven, Sonja (IS); Kneib, Thomas (40 Min.)</p> <p><b>Spatial P-splines and Mixed Models in Agricultural Trials</b> Eilers, Paul; van Eeuwijk, Fred</p> <p><b>Berücksichtigung von räumlichen Kovarianz-Strukturen in landwirtschaftlichen Feldversuchen – Untersuchungen zur Einhaltung des nominalen Fehlers 1. Art und zur Power von t- und F-Test</b> Richter, Christel; Kroschewski, Bärbel</p>	<p><b>Bayessche Verfahren 1</b></p> <p>Chair: Jochem König</p> <p><b>bamdit: An R package for Bayesian Meta-Analysis of Diagnostic Test Data</b> Verde, Pablo Emilio (IS); Sykosch, Arnold</p> <p><b>Validierung von Diagnostetests zur Anwendung in Tierpopulationen – auch hier das Problem des fehlenden Goldstandards!</b> Greiner, Matthias</p> <p><b>Variational Bayes Approximations in Geoadditive Quantile Regression</b> Waldmann, Elisabeth; Kneib, Thomas</p> <p><b>Weakly Informative Priors for Pharmaceutical Dose-Response Trials</b> Bornkamp, Björn</p>	<p><b>Education for Statistics in Practice 1</b></p> <p>Chair: Stephanie Roll, Christoph Muysers</p> <p><b>Analysis of Survival Data with the Cox Model, and Beyond</b> Andersen, Per Kragh (IS)</p>	<p><b>Fallzahlplanung</b></p> <p>Chair : Rainer Muche</p> <p><b>Innovative Methoden und Anwendungen zur Fallzahlplanung für klinische Studien</b> Kieser, Meinhard</p> <p><b>Planning and Evaluating Clinical Trials with Composite Time-to-First-Event Endpoints in a Competing Risk Framework</b> Rauch, Geraldine; Beyersmann, Jan</p> <p><b>Welche Tierversuche erfordern welche Fallzahlplanung - empirische Erfahrungen der Fallzahlplanung in Niedersachsen</b> Kreienbrock, Lothar; Kudinov,Sergej</p> <p><b>Konzept und Erfahrungen des Deutschen Krebsforschungszentrums in der Planung von Tierversuchen im Regierungsbezirk Karlsruhe</b> Edler, Lutz; Holland-Letz, Tim; Kopp-Schneider, Annette</p>
10:30 – 11:00	Coffee Break				

Time	Haus Grashof, Beuth Saal (C16)	Haus Bauwesen, H1 (D 101)	Haus Bauwesen, H2 (D 102)	Haus Bauwesen, H3 (D 117)	Haus Bauwesen, H5 (D 136)
11:00 – 12:30	<p><b>KS 6: Meta-Analysis and Non-Randomized Clinical Trials</b></p> <p>Chair: Dieter Hauschke</p> <p><b>Der Einsatz von Prädiktionsintervallen bei Meta-Analysen mit zufälligen Effekten</b></p> <p>Grouven, Ulrich; Bender, Ralf; Skipka, Guido</p> <p><b>Einfluss von Netzwerkgröße und Inkonsistenz auf die Ergebnisse von Netzwerk Meta-Analysen</b></p> <p>Bender, Ralf; Sturtz, Sibylle</p> <p><b>Randomisierte Phase II Studien ohne Vergleich?</b></p> <p>Lautenschläger, Christine; Parsche, Juliane; Leicht, Jakob; Wienke, Andreas</p> <p><b>Ein Plädoyer für kontrollierte nicht-randomisierte Studien</b></p> <p>Gaus, Wilhelm; Muche, Rainer</p>	<p><b>Gemischte Modelle in Landwirtschaft und Medizin 2</b></p> <p>Chair: Oliver Kuß</p> <p><b>A Hitchhiker's Guide to Mixed Models for Randomized Experiments</b></p> <p>Piepho, Hans-Peter (IS, 40 Min.)</p> <p><b>Modelling the Mean and Covariance Structure for Continuous Bounded Longitudinal Data</b></p> <p>Akacha, Mouna</p> <p><b>Modellwahl, Bias und Coverage in der bivariaten Meta-Analyse</b></p> <p>Sieben, Wiebke; Beckmann, Lars; Bender, Ralf</p>	<p><b>Bayessche Verfahren 2</b></p> <p>Chair: Gerhard Nehmiz</p> <p><b>Bayesian Nowcasting During the EHEC/HUS Outbreak in Germany, 2011</b></p> <p>an der Heiden, Matthias; Höhle, Michael</p> <p><b>Bayesian Estimation of a Disease Transmission Model Based on Ordinary Differential Equations: Rotavirus in Germany 2001-2009</b></p> <p>Weidemann, Felix; Dehnert, Manuel; Koch, Judith; Höhle, Michael</p> <p><b>Spatial Modelling of Ras Protein Structures on the Cellular Membrane</b></p> <p>Schäfer, Martin; Verveer, Peter; Ickstadt, Katja</p> <p><b>Die geplante klinische Studie PREVENT-JIA zur Validierung eines Biomarkers bei Juveniler Idiopathischer Arthritis – Bayes-Ansätze zur Nutzung von unterschiedlichem Vorwissen bei der Analyse von Überlebenszeiten</b></p> <p>Gerß, Joachim; Wulffraat, Nico; Wedderburn, Lucy R.; Ruperto, Nicolino; Wittkowski, Helmut; Frosch, Michael; Föll, Dirk</p>	<p><b>Education for Statistics in Practice 2</b></p> <p>Chair: Stephanie Roll, Christoph Muysers</p> <p><b>Analysis of Survival Data with the Cox Model, and Beyond</b></p> <p>Andersen, Per Kragh (IS)</p>	<p><b>Variable Selection and Regularization</b></p> <p>Chair: Jörg Rahnenführer</p> <p><b>Monotonicity-Constrained Regression: An Application to Species Distribution Models</b></p> <p>Hofner, Benjamin</p> <p><b>Elastic SCAD as a Novel Penalization Method for SVM Classification and Feature Selection Tasks in High-Dimensional Data</b></p> <p>Becker, Natalia; Benner, Axel</p> <p><b>Predictive Biomarkers: Treatment-by-Marker Interaction in High-Dimensional Data</b></p> <p>Werft, Wiebke; Fischer, Martina; Benner, Axel</p> <p><b>Efficiency of Regularized Regression Methods for Genomic Selection</b></p> <p>Ogut, Joseph O.; Schulz-Streeck, Torben; Piepho, Hans-Peter</p>
12:30 – 13:00	Coffee Break				
13:00 – 14:00	<p><b>Closing Lecture</b></p> <p>Chair: Lothar Kreienbrock</p> <p>Keynote Suzan Fiack</p> <p><b>Unsicherheit: Herausforderungen bei der Kommunikation von gesundheitlichen Risiken an den aktuellen Beispielen Dioxin, EHEC und Antibiotika</b></p>				