

Minisymposium 4

Biostatistik: Multiplizität und hochdimensionale Daten

Helmut Finner (Düsseldorf), Arnold Janssen (Düsseldorf)

Julia Benditkis	Zur asymptotisch optimalen Ablehnkurve	122
Werner Brannath	Shortcuts for locally consonant closed test procedures	123
Edgar Brunner	Hochdimensionale Globaltests	124
Thorsten Dickhaus	Über die effektive Anzahl an Tests in genetischen Assoziationsanalysen	125
Elmar Diederichs	Modellselektion durch Semidefinite Relaxation	126
Christian Gieger	The role of genetically determined metabotypes in the genetics of complex traits and polygenic disorders	127
Veronika Gontscharuk	Plug-in Schätzer für die Anzahl wahrer Nullhypothesen bei multiplen Testproblemen	128
Frank Konietzschke	Simultane Konfidenzintervalle für Multiple Kontraste in Repeated Measures Designs	129
Sandra Landwehr	Signifikanz und Abhängigkeit bei Genexpressionsanalysen	129
Alexander Meister	Nichtparametrische Regressionsanalyse für gruppierte Daten	130
Jörg Rahnenführer	Vorhersage von Progression und Therapieantwort bei Krebspatienten: Sind hochdimensionale genomische Daten ein Segen oder ein Fluch?	130
Marsel Scheer	Die erwartete Anzahl falscher Ablehnungen als Fehlerkriterium	131
Korbinian Strimmer	Higher Criticism versus False Discovery Rates	131

Mittwoch, 21. September**Seminargebäude, S15**

14:00 Begrüßung

14:10 Edgar Brunner (Göttingen)
Hochdimensionale Globaltests

15:00 Elmar Diederichs (Berlin)
Modellselektion durch semidefinite Relaxation

15:30 Alexander Meister (Rostock)
Nichtparametrische Regressionsanalyse für gruppierte Daten

16:00h – 16:30h Pause

16:30 Christian Gieger (München)
The role of genetically determined metabolotypes in the genetics of complex traits and polygenic disorders

17:20 Sandra Landwehr (Düsseldorf)
Signifikanz und Abhängigkeit bei Genexpressionsanalysen

17:50 Julia Benditkis (Düsseldorf)
Zur asymptotisch optimalen Ablehnkurve

Donnerstag, 22. September**Seminargebäude, S16**

14:00 Jörg Rahnenführer (Dortmund)
Vorhersage von Progression und Therapieantwort bei Krebspatienten: Sind hochdimensionale genomische Daten ein Segen oder ein Fluch?

14:45 Marsel Scheer (Düsseldorf)
Die erwartete Anzahl falscher Ablehnungen als Fehlerkriterium

15:30 Werner Brannath (Bremen)
Shortcuts for locally consonant closed test procedures

16:00h – 16:30h Pause

- 16:30 Korbinian Strimmer (Leipzig)
Higher Criticism versus False Discovery Rates
- 17:00 Veronika Gontscharuk (Düsseldorf)
Plug-in Schätzer für die Anzahl wahrer Nullhypothesen bei multiplen Testproblemen
- 17:30 Thorsten Dickhaus (Berlin/Clausthal)
Über die effektive Anzahl an Tests in genetischen Assoziationsanalysen
- 18:00 Frank Konietzschke (Göttingen)
Simultane Konfidenzintervalle für Multiple Kontraste in Repeated Measures Designs