

Zielgruppe

Der Kurs richtet sich an Personen, die in die Planung von Studien involviert sind oder sich mit statistischer Methodenforschung beschäftigen. Biometrische Grundkenntnisse und Basiskenntnisse in der Software R werden vorausgesetzt.

Zeit

- Anreise am Freitag, den 21.09.2018 bis 14:30
- Abreise am Montag, den 24.09.2018 ab 12:30

Ort

Casa Familia GmbH
Dünenstraße 45
17454 Zinnowitz
Tel: +49 (0)38377 770
Email: info@casafamilia.de

Anmeldung

Bitte richten Sie Ihre **verbindliche Anmeldung bis zum 31. Mai 2018** per Email an:

Geraldine Rauch: geraldine.rauch@charite.de

Absage

Bei Absage ist eine Erstattung der Kosten nicht möglich. Es kann ein Ersatzteilnehmer benannt werden.

Teilnahmegebühren

Für die Teilnahme ist eine (studentische) Mitgliedschaft bei einer der Fachgesellschaften notwendig. Die Mitgliedschaft für Studierende ist kostenlos.

Universitäre Teilnehmer: 350 Euro
Industrie Teilnehmer: 500 Euro
Studierende: 100 Euro

Unterbringung/Verpflegung

Die Unterbringung und Verpflegung ist in den Teilnahmegebühren inbegriffen und erfolgt am Tagungsort.

Kinderbetreuung & Mitreisende

Familienmitglieder und Kinder sind herzlich eingeladen. Kinderbetreuung vor Ort ist möglich. **Kinderbetreuung und Familienzimmer bitte rechtzeitig anmelden!**

Nähere Infos unter:

<https://www.casafamilia.de/de/freizeit/index.php?id=49>

Anreise

Informationen zur Anreise finden Sie unter:

<https://www.casafamilia.de/anreise.html>

Kontakt & Information

Bei Fragen zur Veranstaltung wenden Sie sich bitte an:

Prof. Dr. Geraldine Rauch

Institut für Biometrie und
klinische Epidemiologie (iBiKE)
Charité - Universitätsmedizin Berlin

Postanschrift: Charitéplatz 1 | 10117 Berlin
Besucheranschrift: Reinhardtstr. 58 | 10117 Berlin
Tel: +49 (0)30 450 562171
Email: geraldine.rauch@charite.de



gmds

Deutsche Gesellschaft für
Medizinische Informatik,
Biometrie und
Epidemiologie e.V.



Sommerschule 2018

Monte-Carlo-Simulationen in methodischer Forschung und Studienplanung

Vom 21. bis 24. September 2018
Ostseebad Zinnowitz, Usedom

Dozenten

Geraldine Rauch
Charité - Universitätsmedizin Berlin

Jochen Kruppa
Charité - Universitätsmedizin Berlin

Ann-Kathrin Ozga
Universitätsklinikum Hamburg-Eppendorf



Einführung in Monte-Carlo Simulationen

In diesem Kursteil werden die mathematischen Grundlagen und die Idee von Monte-Carlo Simulationen vermittelt. Zunächst werden das Prinzip des Zufalls-Experiments und die Gesetzte der großen Zahlen wiederholt. Im Anschluss wird die Konstruktion von Zufallszahlen in Theorie und Praxis erläutert (Pseudo Random Number Generators) und die Bedeutung und Wahl geeigneter Startwerte diskutiert. Um die Anwendung von Monte-Carlo Simulationen in der medizinischen Biometrie zu verdeutlichen, werden außerdem Markov-Chain-Monte-Carlo-Verfahren (MCMC) eingeführt. Alle Methoden werden an kurzen Beispielen in der Software R illustriert.

Monte-Carlo Simulationen mit R

Ein wesentlicher Teil des Kurses befasst sich mit der selbstständigen programmiertechnischen Lösung von offenen Fragen zur Studienplanung und der Bewertung statistischer Testverfahren durch Monte-Carlo Simulationen. **Hierzu sollte jeder Teilnehmer einen Laptop mitbringen auf dem die Software R installiert ist.** Es werden eine Reihe verschiedener Aufgaben gestellt, wie z.B. Fallzahlberechnungen für komplexere Analysen und Studiendesigns, Abschätzungen zur Einhaltung des Fehlerniveaus, komplexere Integralberechnungen, Simulation von binären Daten mit einem genetischen Algorithmus. Die Teilnehmer können Aufgaben entsprechend Ihrem Niveau und Ihrem Interesse wählen. Die Dozenten geben dabei aktive Hilfestellung. Beispiellösungen werden am Ende der Kurseinheit besprochen und verteilt.

Komplexere Beispiele für Monte-Carlo Simulationen

Im letzten Teil des Kurses werden verschiedene komplexe Beispiele zur Anwendung von Monte-Carlo-Simulationen in der Studienplanung und in der methodischen Forschung vorgestellt. Die Beispiele umfassen u.a. die Simulation von rekurrenten Ereignisprozessen, die Simulation von adaptiven Studiendesigns und Simulationen in der statistischen Bioinformatik, insbesondere der Modellierung von hochdimensionalen Daten unter vorgegebenen Korrelationsstrukturen.