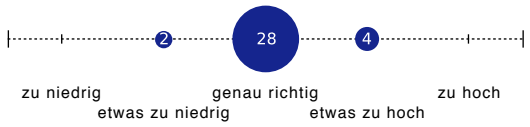
Auswertung zur Veranstaltung "Algorithmen und Datenstrukturen für Bioinformatik"

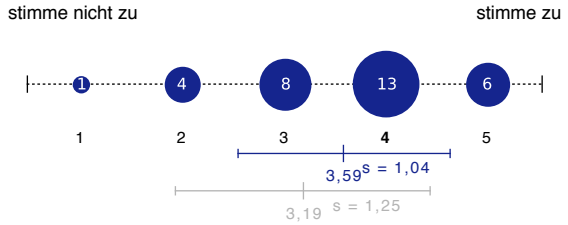
Liebe Dozentin, lieber Dozent,
anbei erhalten Sie die Ergebnisse der Evaluation Ihrer Lehrveranstaltung.
Zu dieser Veranstaltung wurden 34 Bewertungen abgegeben.
Erläuterungen zu den Diagrammen befinden sich am Ende dieses Dokuments.
Mit freundlichen Grüßen,
Das Evaluationsteam

Allgemein

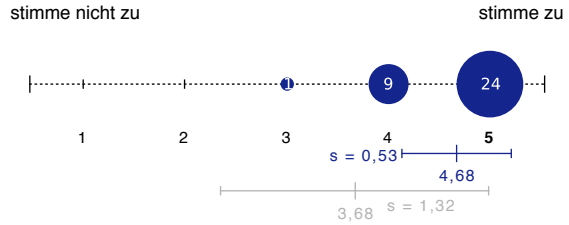


Der Arbeitsaufwand für diese Veranstaltung war

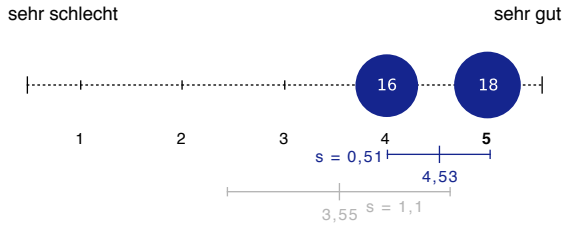
Der Schwierigkeitsgrad der Veranstaltung war



habe meine Arbeitstechniken durch den Besuch dieser Lehrveranstaltung verbessert.

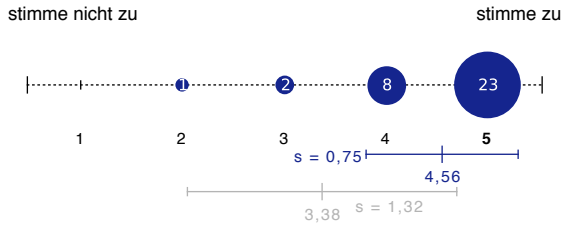


empfehle den Besuch dieser Veranstaltung bei dieser Dozentin/ diesem Dozenten.

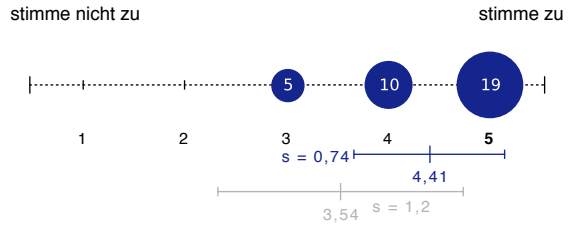


ich bewerte die Veranstaltung insgesamt als:

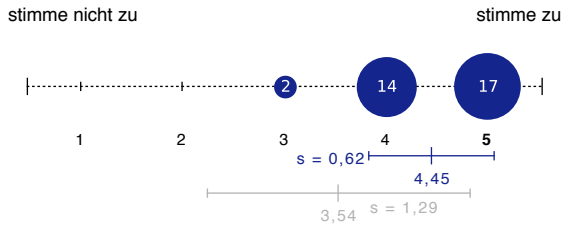
Personalkompetenz



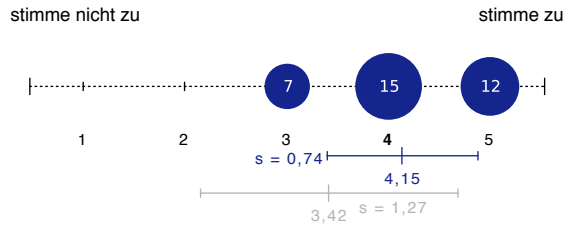
Die Lehrveranstaltung hat mich darin bestärkt, mein Studium fortzusetzen.



In dieser Lehrveranstaltung habe ich Sachen gelernt, die mich begeistern.

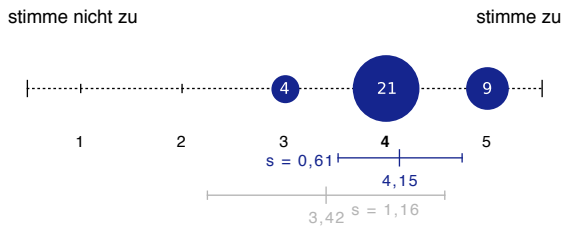


Der/die Dozent/in drückt sich klar und verständlich aus.

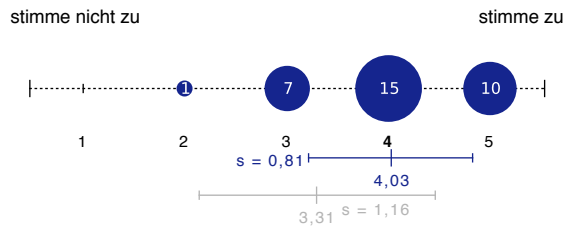


Die Hilfsmittel zur Unterstützung des Lernens (z.B. Literatur, Skript, Folien) sind ausreichend und in guter Qualität vorhanden.

Fachkompetenz



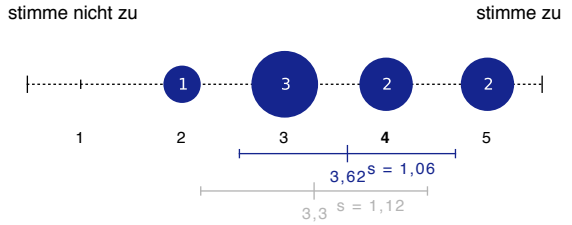
Aufgrund dieser Lehrveranstaltung sehe ich mich nun in der Lage, eine typische Fragestellung des behandelten Gegenstandsbereiches zu bearbeiten.



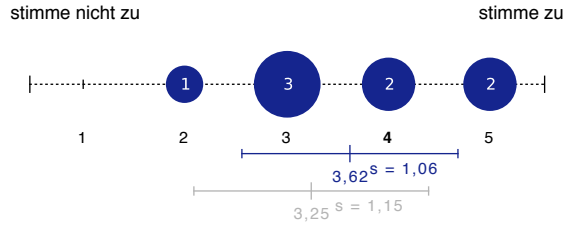
Aufgrund dieser Lehrveranstaltung kann ich Widersprüche und Ähnlichkeiten der behandelten Lerninhalte (z.B. Widersprüche zwischen verschiedenen Modellen oder Verfahren etc.) herausarbeiten.

Kooperationskompetenz

Bitte beantworten Sie die folgenden Fragen nur, wenn Sie in einer Arbeitsgruppe zusammengearbeitet haben.



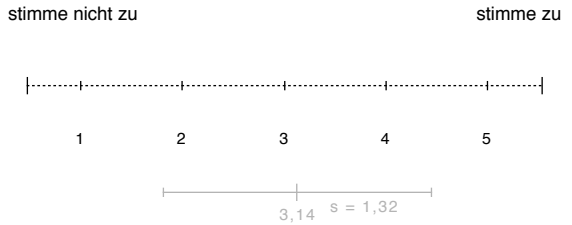
kann ich mich besser für eine konstruktive Arbeitsatmosphäre innerhalb von Teams einsetzen.



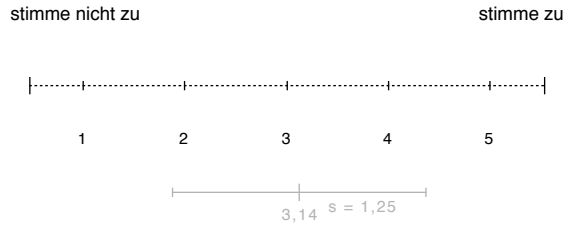
halte ich mich nun besser an die Absprachen innerhalb einer Gruppe.

Präsentationskompetenz

Bitte beantworten sie diese Fragen nur, wenn sie ein Referat gehalten haben:



Aufgrund meines Referats kann ich einen Vortrag besser an den Zuhörer/innen orientieren.



Aufgrund meines Referates kann ich Präsentationen klarer gliedern.

Freitextkommentare

Allgemein

Folgende Themen waren besonders hilfreich:

- Sequence Alignment
  Automaten
- Beleuchtung von Allignment-Algorithmen bezüglich Laufzeit UND benötigtem Speicherplatz.
  Q-Gram Verwendung zur schnellen Suche von Allignments.
- Erklärung der Grundlegenden Sequenzanlignmentalgorithmen.
- Sequenz Alignment
- Alignment, Filtering, HMM
- String Matching und Markov-Modelle
- Needleman ect.
- Filter
- Eigentlich sind alle Themen sehr wichtig für Bioinformatiker.
- welche themen waren wichtig/haben gefehlt... das kann ich als student relativ schlecht beurteilen, ich gehe einfach mal davon aus, dass wir hier wichtige grundlagenalgos gelernt haben
- String Matching
- Im Ganzen waren alle Themen recht interessant und anschaulich.
- Eigentlich alles.
- Automaten. Das Thema reguläre Ausdrucke hat mir geholfen meine Berührungsängste diesbezüglich zu verlieren.
- Einführung in das String-Matching;
  Wiederholung der Automaten
- quasar, fastA, Blast

Folgende Themen haben gefehlt oder sollten stärker vertieft werden:

- Die Themen wurden im angemessenen Umfang behandelt und wurden anschaulich besprochen.
- Die Funktionsweise von BLAST kann man sich kaum merken, da der Algorithmus sehr oberflächlich besprochen wurde.
  Mich hätte auch Automatentheorie und formale Sprache noch viel tiefgehender interessiert, aber da weiß ich nicht, ob das in diese Veranstaltung gehört.
- Automaten und reguläre sprachen fand ich sehr interessant und da sie in info a in etwa in diesem umfang bereits durchgenommen wurden halte ich es für sinnvoll sie eventuell zu vertiefen.
- Fast A ;Blast bzw generell multibles String M.
- Multiple Alignments
- (Hidden) Markov Chains sollten ausführlicher behandelt werden.
- welche themen waren wichtig/haben gefehlt... das kann ich als student relativ schlecht beurteilen, ich gehe einfach mal davon aus, dass wir hier wichtige grundlagenalgos gelernt haben
- Hidden Markov Modelle wurdne bei uns recht knapp vor der Klausur behandelt, vielleicht ließe sich das zeitlich ein wenig nach vorne legen, sodass gegen Ende weniger klausurrelevante Themen behandelt werden.
- Ich fand alles sehr ausgeglichen und sinnvoll. Am Inhalt der Vorlesung würde ich nichts ändern wollen
- HMM
  MM
- Das Thema multiples Alignment dürfte gerne näher betrachtet werden.
- mehr Vertiefung:
  PEX/filtering
- Kommt ja noch im nächsten Jahr.
- kann ich nicht beurteilen. Ich hatte keine inhaltlichen Erwartungen an das Fach geknüpft.
- keine (zumindest sind mir keine aufgefallen)

Das hat mir an der Veranstaltung besonders gut gefallen:

- Der Umstand, dass in der Vorlesung besprochene Algorithmen ebenfalls implementiert wurden und so sowohl theoretisches als auch praktisches Wissen vereinten.
- Die Wiederholungsvorlesung vor der Klausur.
- - Vortrag souverän und verständlich
  - guter Einstieg in das Thema
- viele beispiele, viel anwendung, wenige komplexe formeln.
- Es geht nicht darum, etwas auswendig zu lernen, sondern es zu verstehen.
- Der Bioinformatik bezogene Zusammenhang
- Die Anteile an Beweisen und an eher praktisch nutzbarem Stoff war gut ausgewogen. Zu dem waren die Beispiele sehr gut gewählt und haben den konkreten Bezug zur Bioinformatik hergestellt. Das Skript ist generell sehr aufschlussreich.
- Es war spannend, das erste Mal so richtig den Bezug zur Bioinformatik zu sehen, alles was man davor gelernt hat hatte endlich einen "Sinn".
- - Prof. Reinerts sympathische Art und Weise, die Lerninhalte kompetent und in aller Ruhe zu vermitteln
  - Dass jedes Thema ein separates Skript hatte, das zum einen gut auf die Vorlesung und zum anderen durch die englische Sprache gut auf zukünftige Fachliteratur vorbereitet hat
- Sascha, Knut Reinert
- Anschaulig präsentierte Themen mit interessanten Beispielen.
- Auf alle Fragen gut eingegangen und Themen wurden ausfühlich besprochen.
- Die Aufgabenstellungen der Ubungen waren sehr gut geeignet, um die Vorlesung nachzuarbeiten.
- Die Vorlesung war top. Herr Reinert ist immer sehr gut auf Fragen eingegangen.
- die kombination von programmierpraktikum und vorlesungsinhalt war toll, so konnte man die dinge gleich anwenden
- Die lockere Atmosphäre, die Möglichkeit Fragen während der Veranstaltung zu stellen und die zeitlich auf die Vorlesungsdauer zugeschnittenen Themenbereiche.
- Das Skript (allerdings sollten einige Beispiele nochmal überarbeitet werden).
  Es war immer die Möglichkeit da, Fragen zu stellen, die auch sofort beantwortet wurden (ist ja nicht in allen Veranstaltungen selbstverständlich)
- Tutoren
- Das Thema Alignment hat mir und scheinbar auch vielen anderen besonders gefallen und dürften gerne insofern vertieft werden.
- interessant:
  smith waterman
  needlman wunsch
  automaten/grammatiken
- Punktedruck bei der Bearbeitung der Übungszettel wurde durch bloße Bearbeitungspunkte genommen.(Punktejagt und bloßes abschreiben ist weggefallen)
  Dadurch konnte man eigene Ergebnisse abgeben die vll. nicht immer ganz richtig waren aber dafür von einen selbst kammen.
- die klar gegliederten und uebersichtlichen folien von prof. reinert,
  das ausfuehrliche eingehen auf fragen zu beispielen,
  die einstellung zu den uebungsaufgaben bzw den bewertungskriterien (der nicht vorhandene punktedruck hat sich positiv auf das bearbeiten der aufgaben und das befassen mit dem thema ausgewirkt!)
- Die Art, wie Prof. Reinert denn Stoff lehrt. Unglaublich kompetent. Macht großen Spaß.
- Die Vorlesung war gut strukturiert. Der Dozent engagiert. Zu jedem Thema gab es Fallbeispiele.

  Die Tutoren hatten es drauf (ich hatte beide im Wechsel). Selten findet man eine Kombination aus fachlichen können UND didaktischem Geschick. Das hat auch dazu beigetragen, dass der Arbeitsaufwand für dieses Fach wohl dosiert war. Meine Anerkennung!
- Das direkte Eingehen auf das Skript in all seinen Einzelheiten.
  Auch die eingebrachten Beispiele waren immer sehr lehrreich.
- Obwohl die Vorlesung über sehr viel Stoff geht und das Skript nicht gezwungenermaßen die einzelnen Themen verständlich macht, hat besonders die Vorlesung mindestens bis zur Zeitspanne, als 3/4 des Semesters vorbei waren, jeden Inhalt sehr verständlich gemacht, sodass spätestens in der (sehr guten!) Übung die letzten Fragen geklärt waren. Es war wirklich die gleichzeitig verständnisfördernste als auch inhaltlich-reichste Vorlesung, die ich bisher hatte, aber der Dozent hat sich sichtbar darum gekümmert, dass möglichst alle Fragen geklärt sind und kam trotzdem nicht in Zeitprobleme.
- Es wurden (endlich) Bezüge zwischen den verschiednen Fächern hergestellt und man hat typische Arbeitstechniken der Bioinformatik kennengelernt.
- Der Professor hatte viel geduld mit uns, ist immer mit einem Lächeln erschienen und man hatte immer das Gefühl das er die Vorlesung interessant gestalten will.
- erster prakt. Bezug zur Bioinformatik im Studium

Das hat mir an der Veranstaltung wenig gefallen / folgende Verbesserungen schlage ich vor:

- Die Klausur findet ein wenig frühzeitig statt, was einer bearbeitung der letzten Programmieraufgabe(n) im Wege steht/kontraproduktiv wirkt, da sobald die notwendigen punkte erreicht sind, vorzugsweise für die Klausur gelernt wird, obwohl die Programmieraufgabe recht interessant ist.
- Vor allem in der zweiten Hälfte wurden mehr Ideen als tatsächliche Algorithmen vermittelt. So wurde die Vorlesung eher zur Plauderstunde. Das ist gut und schlecht, aber ich hätte mir ein wenig mehr Detail gewünscht. (Dann auch in Kooperation mit den Übungen, damit man in der Vorlesung nicht einfach abschaltet.)
- - mehr Beispiele, auch welche, an denen sich Probleme zeigen
  - könnten mehr Vorlesungsstunden sein

- mehr bioinformatische Veranstaltungen anstatt Mathe und Informatik getrennt
- Es wäre schön, wenn es einen Freiversuch gäbe. Außerdem sollte eventuell das Praktikum oder alternativ die Reviews zu einem gewissen Teil mit zur Note zählen, damit nicht 12 Credits auf eine, nicht wiederholbare (im Sinne des Freiversuchs), Klausur konzentriert werden.
- gute Tutorien, Tutoren waren gut vorbereitet und haben Fragen aus der VL klären können.
- - Deutschsprachige Vorlesung und englischsprachige Folien haben manchmal etwas verwirrt
  - Evtl. die Folien für die Vorlesung von zuviel Text befreien und mit mehr Grafiken anreichern
- Bewertung der Übungen sollte wenigstens stückweise kommentiert werden. Man weiß nie ob man es richtig hat oder nur teilweise oder einfach nur ein haken weil man etwas geschrieben hat.
- -
- Blast, Quasar und Markov Chains kamen leider zu kurz und zu schnell, so dass man Schwierigkeiten hatte es wirklich zu verinnerlichen.
  Das Skript ist sehr kompakt gehalten, mehr Beispiele wären super.
- Christoph sollte sich besser mit Herr Reinert absprechen. Er hat uns öfters die Algorithmen anders beigebracht, als im Skript stand. War etwas verwirrend!
- Ein deutschsprachiges Skript/deutschsprachige Folien wären während der Vorlesung (und auch für die Nachbearbeitung) hilfreicher gewesen, da die Vorlesung ja auch auf Deutsch gehalten wurde und es somit manchmal ein wenig schwierig war, gleichzeitig auf der einen Sprache zuzuhören und auf der anderen mitzulesen. Letztendlich stellte dies aber kein großes Problem dar.
- Mehr Beispiele in der Vorlesung! Teilweise konnte ich nach der Vorlesung Übungsaufgaben nur bedingt lösen, erst das Tutorium hat mir geholfen, auf die Lösung zu kommen.
- handschriftliches Blatt zur Klausur
- Es wäe schön wenn es für das allgemeine Thema Automaten mehr Beispiele gebracht werden würden. Das Thema an sich ist recht interessant, jedoch ist die tatsächliche z.B Umwandlung von nfa nach dfa zu kurz gekommen, obwohl das Thema etwas komplexer ist.
- das Skript war für das Selbststudium kaum hilfreich. Meist waren es die Folien aus der Vorlesung und bestanden aus zusammenkopierten Seiten aus diversen Fachbüchern (besonders beim Kapitel exaktes String matching). Schwierig sich da durchzukämpfen, wenn man die Vorlesung verpasst hat.
  Die Gestaltung wirkte auch recht lieblos. Hier wünsche ich mir eine didaktische Aufbereitung, versehen mit mehr eigenen Beispielen.
- Der Einstieg in C++ war trotz Einführungskurs zu abrupt bzw. die Sprache ist vielleicht auch einfach etwas zu schwer, um von 0 auf 100 so teilweise komplexe Aufgaben zu lösen. Ein etwas sanfterer Umgang wäre in dem Sinne wünschenswert gewesen.

habe folgende Tipps für Leute, die diese Veranstaltung besuchen wollen: (Die Antworten auf diese Frage sind öffentlich)

- 1. Ein guter Tutor macht euch das Leben leichter.
  2. Fangt lieber früher als später mit den Programmieraufgaben an.
- wer alle übungsaufgaben macht und die tutorien besucht sollte auf die klausur sehr gut vorbereitet sein... die reviews sind zwar sehr einfach aber hilfreich.
- Auf jeden Fall zum Tutorium gehen, wenn einiges nach der VL noch nicht ganz klar ist, nach dem Tutorium ist es das auf jeden Fall!
- keine Panik. Es ist nicht so schwierig
- Nur die Ruhe ;)
  Übungen besuchen!
- Wenn ihr euch von Anfangan mit Pseudocodes beschäftigt und damit klar kommt(Struktur und Schreibweise) habt ihr später weniger Probleme die Alg zu verstehen.
- Arbeitet die Vorlesung wirklich nach, das hilft Euch alles besser zu verstehen. Übung macht den Meister!
- macht die wöchentlichen übungen! ;) die aufgaben werden ja nicht bewertet, sondern einfach nur abgehakt, wenn sie irgendwie erledigt wurden, unabhängig davon, ob die lösungen nun richtig waren... das verleitet natürlich dazu, dass man einfach nur ohne denken irgendwas hinschreibt, um sich zeit für andere kurs zu sparen. aber im endeffekt waren diese zettel die beste klausurvorbereitung und wenn man das immer regelmäßig macht, spart man in der klausurphase viel zeit...
- Beim Bewältigen der Hausaufgaben sollte man versuchen nicht alles am einem Tag zu schaffen, so bleibt viel im Kopf hängen und man muss weniger für die Klausur lernen.
- viele Algorithmen, immer wiederholen!
- Besucht auf jeden Fall die Vorlesung, diese ist eine super Ergänzung zum Skript.
  Beschäftigt euch direkt und gleich mit den bearbeiteten Themen, die Aufgabenzettel helfen ungemein!
- So früh wie möglich sich mit C++ vertraut machen. Den Vorkurs zu bestehen ist nicht schwer, heißt aber mitnichten, dass ihr bereit für die Praktikumsaufgaben seid (in denen wird programmiert).
- Nicht verzweifeln, wenn ihr etwas nicht in der Vorlesung oder alleine versteht, in den Tutorien wird es an praktischen Beispielen ausführlich und verständlich erklärt.

Erläuterungen zur Visualisierung

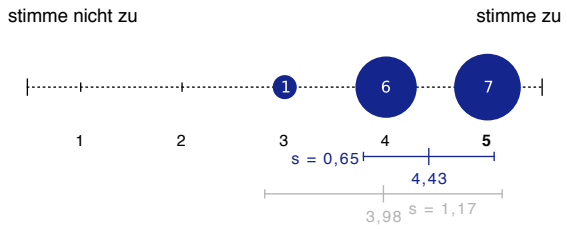
- Im oberen Teil des Bildes befindet sich ein Histogramm der absoluten Häufigkeiten. Hierbei ist die Fläche des Kreises proportional zur Anzahl der Nennungen.
- Darunter sind die möglichen Antworten abgetragen. Die Median-Antwort ist durch eine erhöhte Schriftgröße gekennzeichnet.
- Im unteren Bildteil befinden sich zwei gleichartige Visualisierungen von Mittelwert und Standardabweichung. Die obere, blaue Grafik kennzeichnet die Werte dieser Veranstaltung, die untere, graue diejenigen der Vergleichsgruppe.
- Als Vergleich dienen alle Veranstaltungen dieses Semesters, bei denen diese Frage gestellt wurde.

Auswertung zur Übungsgruppe von Christoph Hartmann zur Veranstaltung "Algorithmen und Datenstrukturen für Bioinformatik"

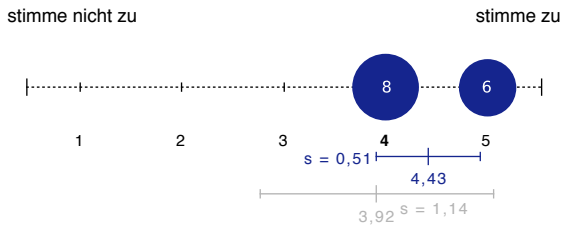
Liebe Dozentin, lieber Dozent,
Diese Auswertung der Übungsgruppe ist nur Ihnen und der Übungsgruppenleiterin / dem Übungsgruppenleiter zugegangen. Bitte besprechen Sie gegebenenfalls die Ergebnisse persönlich mit ihr / ihm und behandeln Sie sie ansonsten vertraulich.

Fragen zu Übungsgruppen

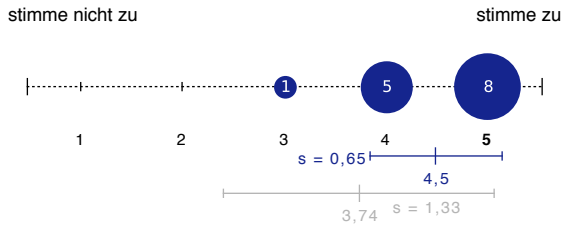
Die Übungsleiterin, der Übungsleiter hat



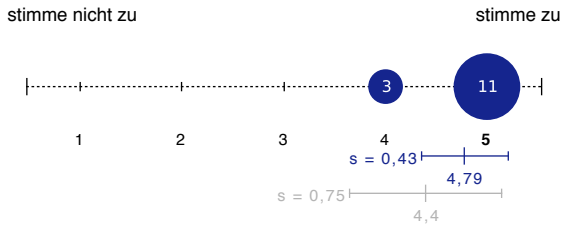
sich gut auf das Tutorium vorbereitet.



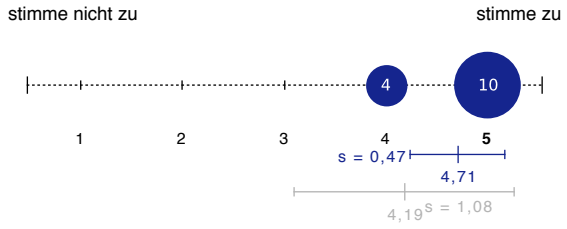
ihr/ ihm gestellte Fragen verständlich beantwortet



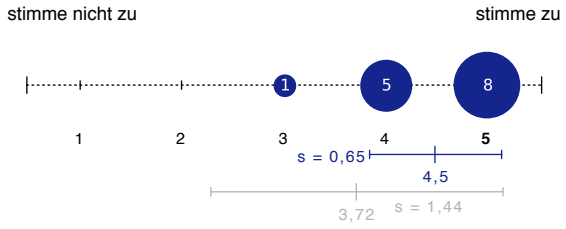
die Übungsaufgaben sinnvoll besprochen.



die Übungszettel schnell zurückgegeben.



sich bemüht/ war engagiert.



Ich würde noch einmal ein Tutorium bei ihr/ ihm besuchen.

Erläuterungen zur Visualisierung

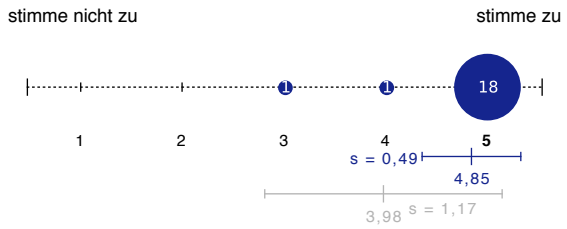
- Im oberen Teil des Bildes befindet sich ein Histogramm der absoluten Häufigkeiten. Hierbei ist die Fläche des Kreises proportional zur Anzahl der Nennungen.
- Darunter sind die möglichen Antworten abgetragen. Die Median-Antwort ist durch eine erhöhte Schriftgröße gekennzeichnet.
- Im unteren Bildteil befinden sich zwei gleichartige Visualisierungen von Mittelwert und Standardabweichung. Die obere, blaue Grafik kennzeichnet die Werte dieser Veranstaltung, die untere, graue diejenigen der Vergleichsgruppe.
- Als Vergleich dienen alle Veranstaltungen dieses Semesters, bei denen diese Frage gestellt wurde.

Auswertung zur Übungsgruppe von Sascha Meiers zur Veranstaltung "Algorithmen und Datenstrukturen für Bioinformatik"

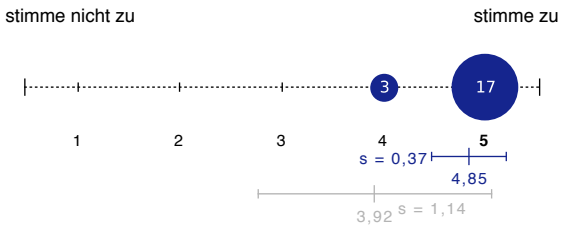
Liebe Dozentin, lieber Dozent,
Diese Auswertung der Übungsgruppe ist nur Ihnen und der Übungsgruppenleiterin / dem Übungsgruppenleiter zugegangen. Bitte besprechen Sie gegebenenfalls die Ergebnisse persönlich mit ihr / ihm und behandeln Sie sie ansonsten vertraulich.

Fragen zu Übungsgruppen

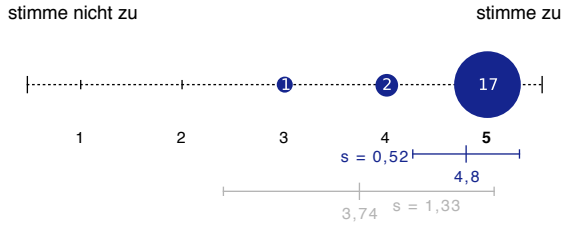
Die Übungsleiterin, der Übungsleiter hat



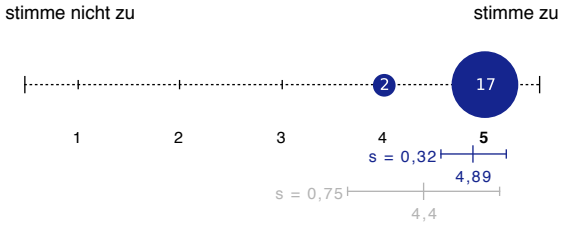
sich gut auf das Tutorium vorbereitet.



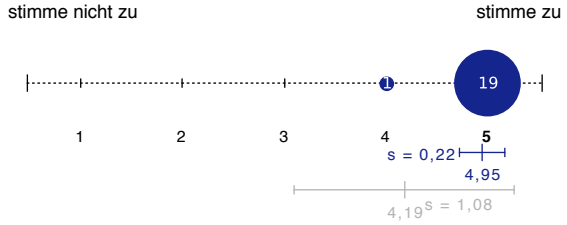
ihr/ ihm gestellte Fragen verständlich beantwortet



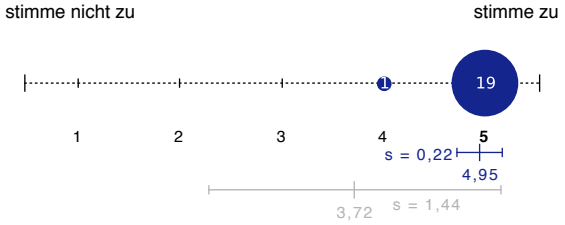
die Übungsaufgaben sinnvoll besprochen.



die Übungszettel schnell zurückgegeben.



sich bemüht/ war engagiert.



Ich würde noch einmal ein Tutorium bei ihr/ ihm besuchen.

Erläuterungen zur Visualisierung

- Im oberen Teil des Bildes befindet sich ein Histogramm der absoluten Häufigkeiten. Hierbei ist die Fläche des Kreises proportional zur Anzahl der Nennungen.
- Darunter sind die möglichen Antworten abgetragen. Die Median-Antwort ist durch eine erhöhte Schriftgröße gekennzeichnet.
- Im unteren Bildteil befinden sich zwei gleichartige Visualisierungen von Mittelwert und Standardabweichung. Die obere, blaue Grafik kennzeichnet die Werte dieser Veranstaltung, die untere, graue diejenigen der Vergleichsgruppe.
- Als Vergleich dienen alle Veranstaltungen dieses Semesters, bei denen diese Frage gestellt wurde.