Stiftung Tierärztliche Hochschule Hannover

Institut für Tierzucht und Vererbungsforschung

**Bachelorarbeit**

TITEL DER ARBEIT

Sergej Ruff

Matrikelnummer: xxxxxxx

Studiengang: Biologie (B.Sc)

Startdatum: xx.xx.xxxx

Abgabedatum: xx.xx.xxxx

Erstprüfer: Prof. Dr. Klaus Jung

Zweitprüfer: Prof. Dr. Bernd Schierwater

Inhaltsverzeichnis

[Zusammenfassung 1](#_Toc109125614)

[1. Einleitung 1](#_Toc109125615)

[1.1. Teilkapitel 1](#_Toc109125616)

[2. Methoden und Daten 1](#_Toc109125617)

[3. Ergebnisse 2](#_Toc109125618)

[4. Diskussion 2](#_Toc109125619)

[5. Literaturverzeichnis 3](#_Toc109125620)

[Anhang 3](#_Toc109125621)

[R-Code 3](#_Toc109125622)

[Danksagung 4](#_Toc109125623)

# Zusammenfassung

Eine Seite Zusammenfassung

# 1. Einleitung

Einleitung

Meyer, J. S., Ingersoll, C. G., McDonald, L. L., & Boyce, M. S. (1986). Estimating uncertainty in population growth rates: jackknife vs. bootstrap techniques. *Ecology*, *67*(5), 1156-1166.

Saremi, B., Kohls, M., Liebig, P., Siebert, U., & Jung, K. (2021). Measuring reproducibility of virus metagenomics analyses using bootstrap samples from FASTQ-files. *Bioinformatics*, *37*(8), 1068-1075.

Saremi, B., Gusmag, F., Distl, O., Schaarschmidt, F., Metzger, J., Becker, S., & Jung, K. (2022). A comparison of strategies for generating artificial replicates in RNA-seq experiments. *Scientific reports*, *12*(1), 1-13.

Luecken, M. D., & Theis, F. J. (2019). Current best practices in single‐cell RNA‐seq analysis: a tutorial. *Molecular systems biology*, *15*(6), e8746.

Kulkarni, A., Anderson, A. G., Merullo, D. P., & Konopka, G. (2019). Beyond bulk: a review of single cell transcriptomics methodologies and applications. *Current opinion in biotechnology*, *58*, 129-136.

## 1.1. Teilkapitel

Teilkapitel

# 2. Methoden und Daten

Methoden

# 3. Ergebnisse

Ergebnisse

# 4. Diskussion

Diskussion

# 5. Literaturverzeichnis

# Anhang

## R-Code

1 setwd("C:\\Users\\alexi\\Documents\\R\\GEO")

2 set.seed(123)

3 getwd()

4 ########################

5 ### Scoring function ###

6 ########################

7 vscore = function(X, a, b, cutd, cutn, cutdlev, cutnlev) {

8 p = a \* b

9 N = dim(X)[1] \* dim(X)[2]

10 varij = matrix(NA, a, b)

11 meanij = matrix(NA, a, b)

12 medianij = matrix(NA, a, b)

# Danksagung

Mein Dank …