

Arbeitsplan Bachelorarbeit Utz Lovis Rieger

Utz Lovis Rieger

3.2.2020

```
{r setup, message=FALSE, warning=TRUE, include=FALSE} library(pander)  
library(tibble)
```

Ansätze

Das Ziel der Bachelorarbeit ist die Schöpfung eines Pakets in R. für die im Biotechnologie Studiengang üblichen Probleme. Hierzu wird auch der didaktische Mehrwert im Mittelpunkt stehen, die Funktionen des Paketes sollten simpel aber funktional sein. Damit das Paket auch ohne R. Studio zugänglich ist wird die Implementation eines GUI über Shiny als Web-App angestrebt.

Ablauf

Das Langzeitziel besteht aus:

- lauffähigem Paket mit Funktionen für das Biotechnologie Bachelorstudium
- einem Shiny-Web-Applet auf welchem die Studenten ihre Daten gleich verarbeiten können ohne tiefere Kenntnis bezüglich R.
- einem robusten Ausreißertest für die Praktika

03.02.2020 bis 14.02.2020

03.02

- Erstellen des Arbeitsplan
- Sichten alter Protokolle und zugehörigen Datensätzen

04.02

- Aufarbeiten der alten Datensätze

- Beginn der “fit werden mit R.”-Phase hierzu gehört Arbeit mit Shiny und R. packages <https://r-pkgs.org/intro.html> und <https://adv-r.hadley.nz/>
 - enable use_github aus dem Paket usethis
- WICHTIG in diesem Zeitraum ein erstes Treffen mit GroWi und Andreas Busjahn vereinbaren #### 05.02
- Arbeitsplan updaten
 - Weiter in r-pgs's einlesen
 - Shiny erkunden

Termin mit GroWi und A. Busjahn um 16:00 CET im FS Fragen:

- Deutsch oder Englisch (Paket, BA, etc. -> Englisch ist weiter verbreitet aber für die Studenten teilweise hinderlich)
-

06.02

- r-pkg's erkunden
- Shiny erkunden

10.02

- <https://rforbiochemists.blogspot.com/> weiter erkunden
- Funktionen für GroWi's BA-Praktikum erarbeiten
- Erste Tests mit Daensätzen aus dem Studiengang

ab 14.02

- Mimipaket mit Vignette zum laufen bringen
- Alle bisher vorhandenen Funktionen in EINER Datei zusammenführen
- diese lauffähig machen
- Probleme bei der Definition von Funktionen beheben
- Über switch(){} eine Plottingfunktion für alle plots generieren

24.02 bis 01.03

- Zusammenfassung der bisher geleisteten Arbeit
- Beispielauswertung
- Minimal-Einführung in R für den Gebrauch der Pakete
 - unter der Annahme, das nach dem Datenimport mit Vektoren gearbeitet wird
 - dann Einführung von Tibble

- Listen erst am Ende, weil Komplex, irgendwie

ab 01.03

- präzisieren der Fragen
- 1. Was soll das Paket enthalten
- 2. Wie soll es strukturiert sein
- 3. Wo liegen die Anforderungen der Biotechnologen
- Alte Protokolle/Skripte auswerten
- Funktionen dazu definieren

Standpunkt 24.03

- Beginn der Niederschrift eines Praxisphasenbericht
- Paket BTBA heißt nun Biotech
- Biotech enthält Beispieldatensätze
- Biotech wird aktuell um die verschiedenen Hilfen ergänzt

Aufgrund der aktuellen Umstände wäre sind einige unbeantwortete Fragen noch im Raum 1. Wann und in welcher Form finden die Praxisphasenvorträge statt 2. Besteht in Naher Zukunft die Möglichkeit, das Paket unter realen Bedingungen zu Testen

ab 8.04

- Weitere Altdaten auswerten
- Mehr Daten aus dem Bereich Verfahrenstechnik sammeln
- Molekularbiologie miteinbeziehen
- GroWi bezüglich Praxisphasenbericht anrufen

ab 14.04

- Testen des Paket mit Datensätzen aus den Praktika
-

Informationsquellen

- @Kleffe2002
- @ChrisBeeley2018
- @Grolemond2017
- @Wickham2009

Referenzen