

Dieser Fragebogen erfragt, wie leicht/schwer dir die Arbeit mit der SeqAn-Softwarebibliothek fällt. Er enthält eine Reihe von Fragen, die dich dazu motivieren sollen, über Möglichkeiten nachzudenken, wie du SeqAn benötigst und ob dir SeqAn hilft, die Dinge zu tun, die du benötigst.

Teil 1 Hintergrundinformationen

Was studierst du / hast du studiert?

Informatik, Bioinformatik, Biotechnologie, ...

Was beschreibt deinen Arbeitsstil am besten?

SystematischPragmatischOpportunistisch

Wie lange hast du bereits mit SeqAn gearbeitet?

6TageWochenMonateJahre

Bezeichnest du dich selbst als kompetent im Gebrauch von SeqAn?

Wie sehr?

nie verwendet, Anfänger, Experte, ...

Hast du bereits ähnliche Bibliotheken / Programme verwendet?

Wenn ja, welche?

Zu welchen Zweck verwendet du hauptsächlich SeqAn?

Was ist das typische Produkt, das du nach der Arbeit mit SeqAn erhältst?

Wie langlebig sind die Produkte, die du erzeugst?

Wegwerfprodukte / selten verwendetregelmäßig gebraucht und verbessertsonstiges

Abschnitt 2 Wenn du SeqAn verwendest, wieviel Zeit verwendest du ungefähr zum ...

... Erkundschaften von SeqAn's Funktionsweise und Funktionsumfang

0%

... Verstehen und Debuggen von Code

0%

... Implementieren von Code

0%

... Umstrukturieren von Code

0%

Abschnitt 3 Fragen zur API

Bei der Beantwortung der folgenden Fragen wirst du gebeten, an SeqAn selbst, sowie an die Werkzeuge zu denken, die du bei der Arbeit mit SeqAn verwendest (z.B. Entwicklungsumgebung, Online-Dokumentation, usw.)

Wenn du Änderungen am Code durchführst, welche fallen dir am schwersten / aufwendigsten? Warum?

Wie viel Funktionalität bezogen auf eine Programmieraufgabe kann durch eine Zeile Code implementiert werden?

Kommt dir die Menge an benötigtem Code für eine typische Aufgabe genau richtig, zu viel oder zu wenig vor? Warum?

Erscheinen dir bestimmte Angelegenheiten in SeqAn besonders komplex?

Sind manche Sachen besonders schwierig für dich umzusetzen (z.B. beim Kombinieren vieler Dinge)? Was sind Beispiele dafür?

Passieren dir manche Typen von Fehlern besonders häufig oder sind leicht zu begehen? Welche?

Erwischt du dich dabei, wie du Fehler machst, die dich irritieren oder dir selbst peinlich sind? Was sind Beispiele dafür?

Wie deutlich beziehen sich die API-Komponenten auf die Bioinformatik?

Welche Teile erscheinen dir besonders merkwürdig, um Dinge zu erledigen?

Beim Arbeiten mit SeqAn: Fällt es dir leicht, herauszubekommen, welche Klassen und Funktionen zu benutzen sind?

Gibt es Teile, deren Bedeutung du nicht kennst, aber trotzdem nutzt, weil sie immer so gebraucht werden? Welche Teile sind das?

Kannst du immer wenn du möchtest deinen Fortschritt überprüfen? Wenn nicht, warum?

Ist es möglich, einfach mit Ideen rumzuspielen / sie auszuprobieren (z.B. wenn du nicht weißt, wie du genau weiterkommst)?

Welche Funktionalität(en) helfen dir dabei?

Was hindert dich daran?

Kannst du mit deiner Aufgabe in jeder Reihenfolge anfangen oder zwingt dich SeqAn vorausschauend zu denken und bestimmte Entscheidungen zuerst zu treffen?

Welche Entscheidungen musst du früher treffen? Was für Probleme entstehen dir dadurch?

Gibt es Dinge in SeqAn, die ähnlich sein sollten/müssten, aber es nicht sind? Welche sind das?

Machen die Abstraktionsebenen¹ in SeqAn für dich Sinn? Wenn nicht, gib bitte die an, die für dich die größten Probleme darstellen und warum?

¹ z.B. String, Dna, globalAlignment, RecordReader, localAlignment, Gaps, Score, Finder, Iterator, length, Align, Reference, Segment, Infix, ...

Wie leicht/schwer fällt es dir, mit SeqAn loszulegen?

Welche Lernmaterialien / Lernquellen hast du am häufigsten benutzt?

Welche hast du vermisst?

Teil 4 Persönliche Meinung

Nachdem du nun den Fragebogen ausgefüllt hast, fallen dir offensichtliche Möglichkeiten ein, das Design von SeqAn zu verbessern? Welche wären das?

Könnte SeqAn so verbessert werden, dass es deine eigenen Anforderungen besser erfüllt?

Wie war es für dich, diesen Fragebogen auszufüllen?

Fragebogen abschicken