Proseminar “Wissenschaftliches Arbeiten”

Ulf Leser

Proseminar

- We want to teach you how
  - to approach a scientific topic
  - to find scientific literature and discern relevant from irrelevant
  - to systematically write a scientific seminar thesis
  - to give good scientific presentations
- Topics are
  - Problems solved by rather simple algorithms
  - Problems in graphs (with simple algorithms)
  - Problems from data management (with simple algorithms)
- Text-Book knowledge is a good start, but not enough

Who should be here

- Bachelor Informatik
- Basic skills in programming and theoretical computer science
- Algorithms and data structures
- Ability to read English papers / books / web pages
- There are two slot: Thursdays, 9-11 and 13-15
  - Some lessons will be separate: Introduction, student contributions
  - Some lessons will be joint (13-15, 3.113): My presentations

How it will work - Overview

20.04.2017, 9-11 und 13-15 Uhr	Leser	Themenvorstellung, Seminaridee, Themenvergabe
27.04.2017, 13-15 Uhr, 4.113	Leser	Wissenschaftliches Recherchieren I
04.05.2017, 13-15 Uhr, 4.113	Leser	Wissenschaftliches Recherchieren II
11.05.2017	Alle Studierende	Abgabe Literaturliste (Feedback per Mail): ▪ Kurze Zusammenfassung des Themas (ca. 20 Zeilen) ▪ Top-10 rausgesuchte Artikel (komplette Referenzen) ▪ Zu den Top-3 jeweils eine kurze Zusammenfassung (ca. 10 Zeilen): Was steht drin, warum ist es für ihre Arbeit wichtig.
	Leser	Wissenschaftliche Vorträge halten
18.05.2017, 9-11 und 13-15 Uhr	Zweimal 6-8 Studierende	5-Minuten "Teaser Talks" (Feedback nach dem Seminar)
1.06.2017, 9-11 und 13-15 Uhr	Zweimal 6-8 Studierende	5-Minuten "Teaser Talks" (Feedback nach dem Seminar)
8.06.2017, 13-15, 4.113	Leser	Wissenschaftliches Schreiben
15.06.2017	Alle Studierende	Abgabe 4-Seiten Themenvorstellung und Abgrenzung
22.06.2017, 9-11 und 13-15	Leser und Studierende	Feedbackrunde 4-Seiten Arbeiten
29.06.2017, 9-11 und 13-15	Leser und Studierende	Feedbackrunde 4-Seiten Arbeiten
6.07.2017, 9-11 und 13-15	Zweimal 4-5 Studierende	15-Minuten Seminarvorträge mit anonymer Bewertung
13.07.2017, 9-11 und 13-15	Zweimal 4-5 Studierende	15-Minuten Seminarvorträge mit anonymer Bewertung
20.07.2017, 9-11 und 13-15	Zweimal 4-5 Studierende	15-Minuten Seminarvorträge mit anonymer Bewertung
30.08.2017	Alle Studierende	Abgabe 10-seitige Seminararbeit

Literature List

- Your topic essentially will consist of a single phrase
- First task: Create a literature list
  - Start from text books giving the basic idea
  - Find current scientific articles with extensions, variations, ...
  - Assess their quality and suitability
  - Create a top-10 list
  - Select most important ones and describe how you will use them

First Deliverable: Abstract and literature list

- An abstract of your topic (~20 lines)
  - Draft of the abstract of your thesis work. Say what you thesis will be about, why this is exciting, and what the particular challenges are
- Top-10 articles with short summary per article (~5 lines)
- Top-3 articles with longer summary; why did you chose them; what are you going to use them for (~10 lines)
- Submit as one PDF
- Give complete references

Schlechtes Abstract

Bei „Mining Frequent Itemsets“ handelt es sich um eine Warenkorb Analyse, mit der das Einkaufsverhalten von Verbrauchern analysiert und ausgewertet werden kann. Mit Hilfe des Warenkorbinhalts kann herausgefunden werden, welche Produkte zusammen eingekauft werden und wo man diese im Markt platzieren soll, damit sie öfters verkauft werden. Das Verfahren wird auch auf Webseiten,

Mit Hilfe sogenannter wenn-dann Regeln können die einzelnen Warenkörbe beschrieben werden. Diese Regeln nennt man „association rules“ und bedeuten, wenn ein Warenkorb mit Produkten gekauft wurde, dann ist x ein Produkt davon. Daraus kann man schlussfolgern, dass wenn ein ein andere Warenkorb die gleichen Produkte (bis auf x) beinhaltet ist es sehr wahrscheinlich dass auch x noch in den Warenkorb gelegt wird. Problem ist, dass es riesige Datenmengen an Warenkörben mit unterschiedlichem Inhalt (sogenannte „item sets“) gibt, für die gute und effeiziente Algorithmen benötigt werden.

Deshalb werde ich auf Apriori-Algorithmus und FP-Tress eingehen.

Schlechtes Abstract

Nein. Das ist nur eine Anwendung. MFIS heisst einfach, in einer Menge von Mengen solche Mengen von Elementen zu finden, die häufig zusammen in den mengen vorkommen.

Bei „Mining Frequent Itemsets“ handelt es sich um eine Warenkorb Analyse, mit der das Einkaufsverhalten von Verbrauchern analysiert und ausgewertet werden kann. Mit Hilfe des Warenkorbinhalts kann herausgefunden werden, welche Produkte zusammen eingekauft werden und wo man diese im Markt platzieren soll, damit sie öfters verkauft werden. Das Verfahren wird auch auf Webseiten,

Mit Hilfe sogenannter wenn-dann Regeln können die einzelnen Warenkörbe beschrieben werden. Diese Regeln nennt man „association rules“ und bedeuten, wenn ein Warenkorb mit Produkten gekauft wurde, dann ist x ein Produkt davon. Daraus kann man schlussfolgern, dass wenn ein ein andere Warenkorb die gleichen Produkte (bis auf x) beinhaltet ist es sehr wahrscheinlich dass auch x noch in den Warenkorb gelegt wird. Problem ist, dass es riesige Datenmengen an Warenkörben mit unterschiedlichem Inhalt (sogenannte „item sets“) gibt, für die gute und effeiziente Algorithmen benötigt werden.

Deshalb werde ich auf Apriori-Algorithmus und FP-Tress eingehen.

Schlechtes Abstract

Das ist unverständlich. Was ist X? Es fehlt die Antezendenz und Konsequenz. Ala: Die Regel sei "wenn X, dann Y". Diese Regel bedeutet: …. Und wovon ist X ein Produkt?

Bei „Mining Frequent Itemsets“ handelt es sich um eine Warenkorb Analyse, mit der das Einkaufsverhalten von Verbrauchern analysiert und ausgewertet werden kann. Mit Hilfe des Warenkorbinhalts kann herausgefunden werden, welche Produkte zusammen eingekauft werden und wo man diese im Markt platzieren soll, damit sie öfters verkauft werden. Das Verfahren wird auch auf Webseiten,

Mit Hilfe sogenannter wenn-dann Regeln können die einzelnen Warenkörbe beschrieben werden. Diese Regeln nennt man „association rules“ und bedeuten, wenn ein Warenkorb mit Produkten gekauft wurde, dann ist x ein Produkt davon. Daraus kann man schlussfolgern, dass wenn ein ein andere Warenkorb die gleichen Produkte (bis auf x) beinhaltet ist es sehr wahrscheinlich dass auch x noch in den Warenkorb gelegt wird. Problem ist, dass es riesige Datenmengen an Warenkörben mit unterschiedlichem Inhalt (sogenannte „item sets“) gibt, für die gute und effeiziente Algorithmen benötigt werden.

Deshalb werde ich auf Apriori-Algorithmus und FP-Tress eingehen.

Schlechtes Abstract

"sehr wahrscheinlich" ist ziemlich ungenau. Eine Regel hat eine Konfidenz und einen Support. Das kann man auch im Abstrakt schon einführen.

Bei „Mining Frequent Itemsets“ handelt es sich um eine Warenkorb Analyse, mit der das Einkaufsverhalten von Verbrauchern analysiert und ausgewertet werden kann. Mit Hilfe des Warenkorbinhalts kann herausgefunden werden, welche Produkte zusammen eingekauft werden und wo man diese im Markt platzieren soll, damit sie öfters verkauft werden. Das Verfahren wird auch auf Webseiten,

Mit Hilfe sogenannter wenn-dann Regeln können die einzelnen Warenkörbe beschrieben werden. Diese Regeln nennt man „association rules“ und bedeuten, wenn ein Warenkorb mit Produkten gekauft wurde, dann ist x ein Produkt davon. Daraus kann man schlussfolgern, dass wenn ein ein andere Warenkorb die gleichen Produkte (bis auf x) beinhaltet ist es sehr wahrscheinlich dass auch x noch in den Warenkorb gelegt wird. Problem ist, dass es riesige Datenmengen an Warenkörben mit unterschiedlichem Inhalt (sogenannte „item sets“) gibt, für die gute und effeiziente Algorithmen benötigt werden.

Deshalb werde ich auf Apriori-Algorithmus und FP-Tress eingehen.

Schlechtes Abstract

Da es in der Arbeit vor allem um die Algorithmen geht, sollte auch das Abstract vor allem Algorithmen vorstellen. Sie reden aber fast nur über Anwendungen - irreführend.

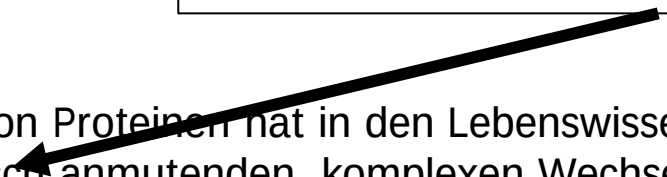
Bei „Mining Frequent Itemsets“ handelt es sich um eine Warenkorb Analyse, mit der das Einkaufsverhalten von Verbrauchern analysiert und ausgewertet werden kann. Mit Hilfe des Warenkorbinhalts kann herausgefunden werden, welche Produkte zusammen eingekauft werden und wo man diese im Markt platzieren soll, damit sie öfters verkauft werden. Das Verfahren wird auch auf Webseiten,

Mit Hilfe sogenannter wenn-dann Regeln können die einzelnen Warenkörbe beschrieben werden. Diese Regeln nennt man „association rules“ und bedeuten, wenn ein Warenkorb mit Produkten gekauft wurde, dann ist x ein Produkt davon. Daraus kann man schlussfolgern, dass wenn ein ein andere Warenkorb die gleichen Produkte (bis auf x) beinhaltet ist es sehr wahrscheinlich dass auch x noch in den Warenkorb gelegt wird. Problem ist, dass es riesige Datenmengen an Warenkörben mit unterschiedlichem Inhalt (sogenannte „item sets“) gibt, für die gute und effeiziente Algorithmen benötigt werden.

Deshalb werde ich auf Apriori-Algorithmus und FP-Tress eingehen.

Gutes Abstract

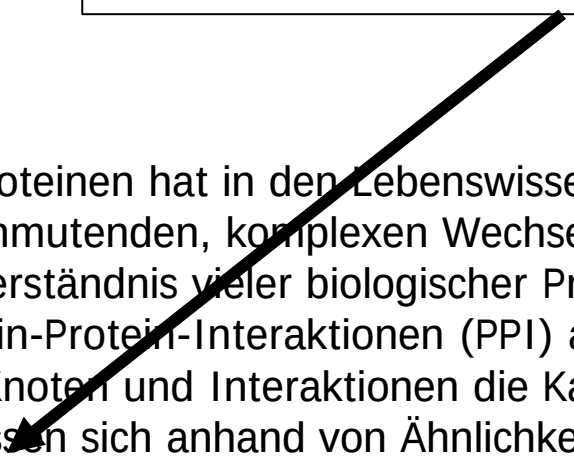
Eher umdrehen. Die Wechselwirkungen sind Grundlage ... daher hat Funktion hohe Relevanz ...



Die Erforschung der Funktion von Proteinen hat in den Lebenswissenschaften eine sehr hohe Relevanz - die durchaus chaotisch anmutenden, komplexen Wechselwirkungen zwischen Proteinen sind die Grundlage zum Verständnis vieler biologischer Prozesse wie beispielsweise Krankheiten. Dabei lassen sich Protein-Protein-Interaktionen (PPI) als funktionales Netzwerk begreifen, in welchem Proteine die Knoten und Interaktionen die Kanten darstellen. Für ein noch unerforschtes PPI-Netzwerk lassen sich anhand von Ähnlichkeiten zu einem bereits erforschten Voraussagen über Modul- und Proteinfunktionen treffen. Für die Bioinformatik stellt sich hier ein graphentheoretisches Problem, das Network Alignment genannt wird. Mit der Einführung sogenannter Graphlets haben in der Bioinformatik neue Metriken Einzug gehalten, die es ermöglichen, Netzwerke bzw. Graphen auf Ähnlichkeit zu testen, indem herkömmliche Graphenkonzepte wie Kontengrad und Gradverteilung über dem Graphen zu Graphletgrad und deren Verteilung verallgemeinert sowie Häufigkeiten von Graphlettypen in zwei Graphen verglichen werden. Ich werde in meiner Arbeit zeigen, was beim Network Alignment beachtet werden muss, was Graphlets sind und wie die Metrik graphlet degree signature dazu verwendet wird, das Network Alignment Problem zu lösen. Dazu wird der noch sehr junge Algorithmus LGRAAL vorgestellt, charakterisiert und kurz mit anderen Algortihmen verglichen. Abschließend werde ich seine Effizienz und Komplexität auf Grundlage der vorliegenden Forschungsarbeiten unter Abwägung seiner möglichen Schwächen beurteilen.

Gutes Abstract

Begriff erklären, kommt zu überraschend und ist total überladen.



Die Erforschung der Funktion von Proteinen hat in den Lebenswissenschaften eine sehr hohe Relevanz - die durchaus chaotisch anmutenden, komplexen Wechselwirkungen zwischen Proteinen sind die Grundlage zum Verständnis vieler biologischer Prozesse wie beispielsweise Krankheiten. Dabei lassen sich Protein-Protein-Interaktionen (PPI) als funktionales Netzwerk begreifen, in welchem Proteine die Knoten und Interaktionen die Kanten darstellen. Für ein noch unerforschtes PPI-Netzwerk lassen sich anhand von Ähnlichkeiten zu einem bereits erforschten Voraussagen über Modul- und Proteinfunktionen treffen. Für die Bioinformatik stellt sich hier ein graphentheoretisches Problem, das Network Alignment genannt wird. Mit der Einführung sogenannter Graphlets haben in der Bioinformatik neue Metriken Einzug gehalten, die es ermöglichen, Netzwerke bzw. Graphen auf Ähnlichkeit zu testen, indem herkömmliche Graphenkonzepte wie Kontengrad und Gradverteilung über dem Graphen zu Graphletgrad und deren Verteilung verallgemeinert sowie Häufigkeiten von Graphlettypen in zwei Graphen verglichen werden. Ich werde in meiner Arbeit zeigen, was beim Network Alignment beachtet werden muss, was Graphlets sind und wie die Metrik graphlet degree signature dazu verwendet wird, das Network Alignment Problem zu lösen. Dazu wird der noch sehr junge Algorithmus LGRAAL vorgestellt, charakterisiert und kurz mit anderen Algortihmen verglichen. Abschließend werde ich seine Effizienz und Komplexität auf Grundlage der vorliegenden Forschungsarbeiten unter Abwägung seiner möglichen Schwächen beurteilen.

Gutes Abstract

Logisch ist das redundant. Neue Metriken ermöglichen immer neue Messungen. Man erwartet eher "... die es ermöglichen, Netzwerke .. schneller / genauer ... zu vergleichen". Ein neues Maß ist ja auch kein Selbstzweck.

Die Erforschung der Funktion von Protein[illegible]e Relevanz - die durchaus chaotisch anmut[illegible]. Proteinen sind die Grundlage zum Verständnis vieler biologischer Prozesse wie beispielsweise Krankheiten. Dabei lassen sich Protein-Protein-Interaktionen (PPI) als funktionales Netzwerk begreifen, in welchem Proteine die Knoten und Interaktionen die Kanten darstellen. Für ein noch unerforschtes PPI-Netzwerk lassen sich anhand von Ähnlichkeiten zu einem bereits erforschten Voraussagen über Modul- und Proteinfunktionen treffen. Für die Bioinformatik stellt sich hier ein graphentheoretisches Problem, das Network Alignment genannt wird. Mit der Einführung sogenannter Graphlets haben in der Bioinformatik neue Metriken Einzug gehalten, die es ermöglichen, Netzwerke bzw. Graphen auf Ähnlichkeit zu testen, indem herkömmliche Graphenkonzepte wie Kontengrad und Gradverteilung über dem Graphen zu Graphletgrad und deren Verteilung verallgemeinert sowie Häufigkeiten von Graphlettypen in zwei Graphen verglichen werden. Ich werde in meiner Arbeit zeigen, was beim Network Alignment beachtet werden muss, was Graphlets sind und wie die Metrik graphlet degree signature dazu verwendet wird, das Network Alignment Problem zu lösen. Dazu wird der noch sehr junge Algorithmus LGRAAL vorgestellt, charakterisiert und kurz mit anderen Algortihmen verglichen. Abschließend werde ich seine Effizienz und Komplexität auf Grundlage der vorliegenden Forschungsarbeiten unter Abwägung seiner möglichen Schwächen beurteilen.

Gutes Abstract

Da es in der Arbeit vor allem um die Algorithmen geht, sollte auch das Abstract vor allem Algorithmen vorstellen. Sie reden aber fast nur über Anwendungen - irreführend.

Die Erforschung der Funktion von Proteinen hat in den Lebenswissenschaften eine sehr hohe Relevanz - die durchaus chaotisch anmutenden, komplexen Wechselwirkungen zwischen Proteinen sind die Grundlage zum Verständnis vieler biologischer Prozesse wie beispielsweise Krankheiten. Dabei lassen sich Protein-Protein-Interaktionen (PPI) als funktionales Netzwerk begreifen, in welchem Proteine die Knoten und Interaktionen die Kanten darstellen. Für ein noch unerforschtes PPI-Netzwerk lassen sich anhand von Ähnlichkeiten zu einem bereits erforschten Voraussagen über Modul- und Proteinfunktionen treffen. Für die Bioinformatik stellt sich hier ein graphentheoretisches Problem, das Network Alignment genannt wird. Mit der Einführung sogenannter Graphlets haben in der Bioinformatik neue Metriken Einzug gehalten, die es ermöglichen, Netzwerke bzw. Graphen auf Ähnlichkeit zu testen, indem herkömmliche Graphenkonzepte wie Kontengrad und Gradverteilung über dem Graphen zu Graphletgrad und deren Verteilung verallgemeinert sowie Häufigkeiten von Graphlettypen in zwei Graphen verglichen werden. Ich werde in meiner Arbeit zeigen, was beim Network Alignment beachtet werden muss, was Graphlets sind und wie die Metrik graphlet degree signature dazu verwendet wird, das Network Alignment Problem zu lösen. Dazu wird der noch sehr junge Algorithmus LGRAAL vorgestellt, charakterisiert und kurz mit anderen Algortihmen verglichen. Abschließend werde ich seine Effizienz und Komplexität auf Grundlage der vorliegenden Forschungsarbeiten unter Abwägung seiner möglichen Schwächen beurteilen.

Bibliographische Angaben

- Buch: Author, title, year, Verlag
- Journals: Author, title, year, journal, volume, (issue), pages
- Conference: Author, title, year, conference name, location
- Reports: Author, title, year, type of work, institution, number
- Buchkapitel (editiert): Author, title, year, Buch, Verlag, Editoren
- Beispiele
  - Rawald, T., Sips, M., Marwan, N. and Leser, U. (2015). "Massively Parallel Analysis of Similarity Matrices on Heterogeneous Hardware". Int. Workshop on Data (Co-)Processing on Heterogeneous Hardware Brussles, Belgium
  - Rheinländer, A., Heise, A., Hueske, F., Leser, U. and Naumann, F. (2013). "SOFA: An Extensible Logical Optimizer for UDF-heavy Dataflows". CoRR/abs:1311.6335.
  - Rheinländer, A., Heise, Hueske, Leser, and Naumann, (2015). "SOFA: An Extensible Logical Optimizer for UDF-heavy Data Flows " Information Systems 52: 96 - 125.
  - Hakenberg, J., Plake, C. and Leser, U. (2010). Ali Baba: A Text Mining Tool for Complex Biological Systems. In Lodhi, H. and Muggleton, S. (ed): Elements of Computational Systems Biology, Wiley & Sons

Zitation (Kurzbeleg)

- Drei Autorennachnamenanfangsbuchstaben, dann Jahr
  - [RHH+15] Rheinländer, A., Heise, A., Hueske, F., Leser, U. and Naumann, F. (2015). "SOFA: An Extensible Logical Optimizer for UDF-heavy Data Flows " Information Systems 52: 96 - 125.
  - [Sea05] Searls, D. B. (2005). "Data Integration: Challenges for Drug Discovery." Nature Reviews Genetics 4: 45-58.

Deliverable two: 5 minutes Presentation

- Present your topic in 5 minutes
  - 3 content slides at most

- What is your topic about?
- Why is this topic/problem important? Applications?
- What is the standard way of solving it
- What are extensions – and why do they exist?
- What is cool about your topic?

Deliverable 3: First Written Text (4 Pages)

- Introduction: What is the problem?
  - What is it relevant for?
  - What are the important computational aspects?
  - What will this seminar thesis describe?
- Formal problem statement
  - Express your problem in a formal, CS-based language
- List of solutions you will present with short description
  - Why these? What makes them interesting, what are their mutual differences / properties?
- What you will not include – and why not
- Reference list

Details

- Die 4-Seiten Fassung soll die Seminararbeit in Kurzform sein. Sie soll sowohl sehr sorgfältig formuliert als auch korrekt und umfassend im Sinne des Themas sein - aber es fehlen Details, für Beispiele wird kaum Platz sein, etc. Die Gliederung sollte aber im Grunde die gleiche wie bei der endgültigen Arbeit sein. Sinn dieser Arbeit ist es, dass Sie auf 4 Seiten gutes Schreiben und die Erfassung eines Themas üben können, ohne vor zu viel Text zurückzuschrecken. Idealerweise ist die 10-Seiten Fassung am Ende einfach die 4-Seitenfassung, ergänzt um Beweise, Messungen, Beispiele und ausführlichere Erklärungen. Das Feedback zur 4-Seiten Fassung erfolgt im individuellen Gespräch
- Die 4 Seiten sind inkl. Bibliographie, aber zusätzlich zu Inhaltsverzeichnis und Titelseite

Deliverable 4: 15 Minutes Talk

- Final presentation
- 15 min + 2 min discussion

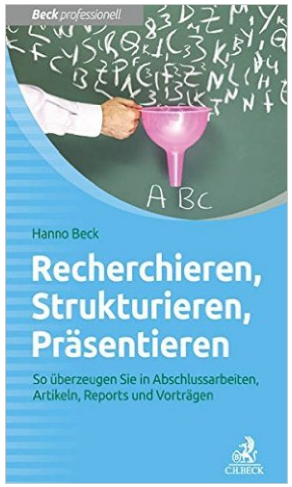
- Formal problem statement
- A running example
- Overview of solutions
- One interesting solution in more detail
- Applications
- Comparison of approaches
- Discussion: What is missing, open, not yet researched?

Deliverable 5: Final Thesis (10 Pages)

- Abstract
- Introduction
- Examples
- Applications
- Background and problem statement
- Most important solutions
- Comparison (qualitative, quantitative)
- Summary

- Questions?

Literatur



15-20 Euro, sehr lebendig, BWL orientiert

4 Euro (!), etwas dröge und veraltet

15 Euro

25-30 Euro