



## DIE ENT- WICKLER

iAMB, ABBT,  
RWTH Aachen

Dr. Ulf Liebal  
Rafael Schimassek  
Prof. Dr. Lars Blank

BPT, WHS  
Recklinghausen

Jonathan Sturm  
Prof. Dr. Frank Eiden

### Kontakt

Dr. Ulf Liebal  
Telefon: 0241-80-26604  
ulf.liebal@rwth-aachen.de

# BIO LAB SIM

## DAS LEHR FORMAT

### Pädagogisch Wertvoll

- Motivierende Erzählstruktur
- Datenanalyse als Teamarbeit
- Videokonferenz und MOOC tauglich

### Technisch Aktuell

- virtueller Organismus
- Realistische Rohdaten
- Cloud-basierter Einsatz



Link GitLab Projektentwicklung:  
<https://git.rwth-aachen.de/ulf.liebal/biolabsim>

Finanzielle Unterstützung  
Exzellenzcluster: 2186  
RWTH FSC, The Fuel Science Center:  
390919832  
Exzellenzinitiative:  
(DE-82)EXS-PF-PFSDS015

Data Literacy Biotechnologie:  
Weiterbildungen und Lehre

# BIO LAB SIM



BioLabSim ist ein Workflow, in dem die Voraussetzungen und Ergebnisse von mikrobiologischen Experimenten simuliert werden. Die NutzerInnen navigieren in einem modernen und weit verbreiteten Programmierumfeld (Jupyter Notebook) und erlernen Datenanalysen und maschinelles Lernen an realistischen Beispielen.

„Die biotechnologische Revolution [...] ist nicht zuletzt eine Folge der exponentiellen Verbesserung von Informationstechnologie.“ C. Stöcker, Spiegel

„Der Fortschritt im Bereich experimenteller Methoden und moderner (Hochdurchsatz-) Technologien ist ein wichtiger Treiber für Innovationen in der biologischen und medizinischen Forschung. [...] Gleichzeitig nimmt auch die Menge der digitalisierten Daten [...] rasant zu. Um all diese stark heterogenen Daten wirkungsvoll zu analysieren, zu interpretieren und nutzbar zu machen sind intelligente Algorithmen und integrative [...] Workflows erforderlich.“

BMBF

## ANWENDUNGS- BEISPIELE

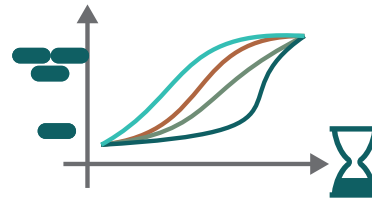
### Rekombinante Expression



Hochdurchsatz Wachstumsexperimente



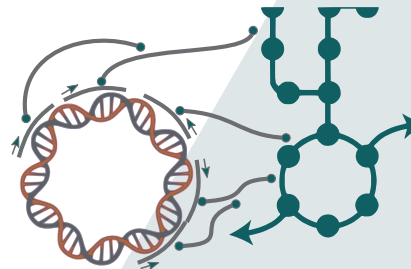
Identifikation optimaler  
Wachstumsparameter



Mutations- und Klonierungsexperimente



Gen-Expressionsanalysen



Enzym Knock-Outs



Metabolische Flußanalysen

```
previousElements = [];  
selectedScopes = [];  
  
ngSwitchExpr, function ngSwitchExpr  
for (i = 0, ii = previousElements.length; i < ii; i++) {  
  selectedScopes[i].destroy();  
  previousElements[i].remove();  
  previousElements.length = 0;  
}  
  
for (i = 0, ii = selectedScopes.length; i < ii; i++) {  
  selectedScopes[i].destroy();  
  previousElements[i] = selected;  
  $animate.leave(selected, function() {  
    previousElements.splice(i, 1);  
  });  
}
```

## PROGRAMMIER- UMGEBUNG

### Code-Entwicklung

- Basierend auf Python 3
- Open Access mittels RWTH GitLab
- Detaillierte Dokumentation
- Lokale Installation durch Paket-Manager

### Funktionen

- Biologisch inspirierte Klassen verknüpft mit experiment-ähnlichen Funktionen
- Biopython: Kodierung von Sequenzier-Daten
- Cobrapy: Simulation metabolischer Aktivität
- Exp2lpynb: Vorhersage der Promotoraktivität