



## DAS LEHR FORMAT

- Teamarbeit am Computer
  - Interdisziplinäre Gruppen
  - Möglich in Seminarraum oder in Videokonferenz
  - Einsetzbar als Übung bei MOOCs, z.B. EdX
  - Cloud basierter Einsatz
  - RWTHjupyter Software Service
  - Weltweiter Zugriff mit RWTH Account
  - Keine Installationen nötig
  - Hardware unabhängig
  - Sicher und zuverlässig
  - Ergebnissicherung durch „Interaktives Audience Response System“
  - Gemeinsame Grafik für die Vorhersagen aller Gruppen

## DIE ENT- WICKLER

**Dr. Ulf Liebal** iAMB  
ulf.liebal@rwth-aachen.de

**Rafael Schimassek** iAMB  
rafael.schimassek@rwth-aachen.de

iAMB, ABBT, RWTH Aachen:  
**Iris Broderius**  
**Prof. Lars Blum**



Zugang für RWTH GitLab Nutzer:  
<https://git.rwth-aachen.de/ulf.liebal/biolabsim>

Exzellenzinitiative  
The Fuel Science Center  
PFSDS015: iStrainML

Literatur:  
1. Alber et al., 2019, doi: 10.1038/s41746-019-0193-y, 2. Brown & Wilson, 2018, doi: 10.1371/journal.pcbi.1006023, 3. Liebal et al., 2020, doi: 10.1101/2020.12.14.422740, 4. Cock et al., 2009, doi: 10.1093/bioinformatics/btp163, 5. Liebal et al., 2013, doi: 10.1186/1752-0584-74

# BIO LAB SIM

Interdisziplinäre Lehre von  
Informatik-Mikrobiologie

# BIO LAB SIM

„ Der Fortschritt in der biologischen Forschung und der biotechnologischen Praxis beruht auf automatisierten Experimenten und computergestützten Datenanalysen.

Autor

„ Biowissenschaftliche Lehre muss Kompetenzen für Informatik, Datenanalyse und maschinellem Lernen in einem relevanten Kontext vermitteln.

Autor



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

## ANWENDUNGS- BEISPIELE

### Rekombinante Expression

- Messung des temperatur-spezifischen Zell-Wachstums.
- Regression zur Raten-Bestimmung, max. Biomasse-Konzentration
- Klonierung eines Promotors, dazu Promotor-Temperaturstudie
- Berechnung der Annealing Temperatur.
- Integration von optimaler Temperatur, Biomasse und Promotor
- Verhältnis von GC-Verhältnis auf Expressionsstärke
- Metabolic Engineering (optional)**
- Sequenzierung und Assembly eines Genoms
- Fastq Analyse mit Greedy Algorithmus
- Promoter-Identifikation
- Korrelation Promotor zu Sequenz

## PROGRAMMIER- UMGEBUNG

### Python-basierte Entwicklung

- Basierend auf Python 3.9 (release '20)
- Objekt-Orientierte Programmierung
- Biologisch inspirierte Klassen verknüpft mit experiment-ähnlichen Funktionen.
- 1458 'Lines of Code'
- 824 'Lines of comments'
- Detaillierte Dokumentation

### Integrated Libraries

- Biopython: Kodierung von Sequenzier-Daten
- Cobrapy: Simulation metabolischer Aktivität
- Exp2lpynb: Vorhersage der Promoteraktivität

### Code Development

- Git Versionskontrolle
- Open Access via RWTH GitLab
- Developer Manual
- Lokale Installation via Packet-Manager