

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

DAS LEHR FORMAT

Pädagogisch Wertvoll

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

Technisch Aktuell

- virtueller Organismus
- Realistische Rohdaten
- Cloud-basierter Einsatz



BIO LAB SIM



Data Literacy Biotechnologie:
Weiterbildungen und Lehre



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

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

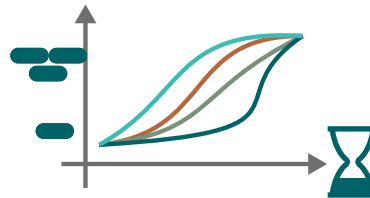
Rekombinante Expression



Hochdurchsatz Wachstumsexperimente



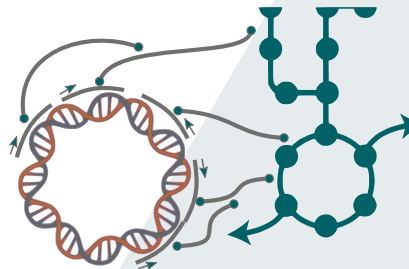
Identifikation optimaler
Wachstumsparameter



Mutations- und Klonierungsexperimente



Gen-Expressionsanalysen



Enzym Knock-Outs



Metabolische Flußanalysen

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

