



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 Blank



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. Ebrahim et al., 2013, doi: 10.1186/1752-0509-7-74

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 Promoters, dazu Promotor-Literaturstudie



Berechnung der Annealing Temperatur.



Integration von optimaler Temperatur, Biomasse und Promotor



Verhältnis von GC-Verhältnis auf Expressionsstärke

Metabolic Engineering (geplant)



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 Doku (readthedocs)

Integrated Libraries

- Biopython4: Kodierung von Sequenzier-Daten
- Cobrapy5: Simulation metabolischer Aktivität
- Exp2lpynb3: Vorhersage der Promoteraktivität

Code Development

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