

# Virtuell Schäumen – Simulieren und Visualisieren

Forschungsgruppen Simulation & Optimization / Knowledge Engineering



**Dr. Robert Vorburger**  
Leiter Forschungsgruppe  
Knowledge Engineering,  
voru@zhaw.ch



**Dr. Lukas Hollenstein**  
Leiter Forschungsgruppe  
Simulation & Optimization,  
hols@zhaw.ch

**Forschungsprojekt  
Verfahrenstechnik  
digital erlebt**

**Leitung:**  
Dr. Nadina Müller,  
Forschungsgruppe für  
Lebensmittel-Technologie

**Dauer:**  
April 2019 – Dezember 2019

Die digitale Transformation von Laborpraktika in der Lebensmittelverfahrenstechnik schreitet unaufhaltsam voran. Das Institut für Angewandte Simulation IAS entwickelt zusammen mit dem Institut für Lebensmittel- und Getränkeinnovation ILGI eine neue Web-Plattform für gamifizierte, virtuelle Praktika. Beim Piloten bietet die Simulation und Visualisierung von Lebensmittelschäumen eine interessante Herausforderung an die statistische Modellierung, Interpolation und Bilderzeugung von Blasenverteilungen.

**Verfahrenstechnik digital erlebt**

Praktika gehören zum Bachelorstudium in Lebensmitteltechnologie dazu wie das tägliche Brot. Insbesondere in der Verfahrenstechnik werden die Studierenden anhand praktischer Versuche im Labor geschult und lernen so, das theoretische Wissen in die Praxis umzusetzen. Die Praktika physisch im Labor durchzuführen ist zeitaufwändig, betreuungs- und kostenintensiv. In einer Zeit der digitalen Transformation bieten virtuelle E-Praktika eine kostengünstigere und flexiblere Alternative. Im Rahmen des E-Learning Projekts «Verfahrenstechnik digital erlebt» entwickelt das IAS zusammen mit der Forschungsgruppe für Lebensmitteltechnologie zurzeit eine Web-Plattform für E-Praktika, die das Angebot an praktischen Übungen im Studium interaktiv und spielerisch ergänzt.

**Membranschäumen**

Als Pilot wird auf der Web-Plattform ein erstes E-Praktikum angeboten, das die Herstellung von Lebensmittelschäumen simuliert. Dieses E-Praktikum erlaubt den Studierenden, persönliche Erfahrungen im Umgang mit einer Membranschäumungs-Anlage zu sammeln, ohne gleich einen erheblichen Aufwand im Labor zu betreiben. Die Parameter der virtuellen Anlage

können von den Studierenden eingestellt werden, so zum Beispiel die Porengrösse der äusseren Membran oder die Rotationsgeschwindigkeit des inneren Zylinders. Daraufhin wird entsprechend ein virtueller Schaum simuliert und visualisiert. Der Einfluss der zur Verfügung stehenden Parameter auf den resultierenden Schaum kann so von den Studierenden empirisch nachvollzogen werden und die theoretischen Kenntnisse werden bestätigt und praktisch erfahrbar. Das E-Praktikum Membranschäumen bietet zusätzlich eine Visualisierung der Anlage und ein Tool zur statistischen Bildanalyse des virtuellen Schaums. Den Studierenden werden Herausforderung gestellt, die sie mithilfe der virtualisierten Anlage lösen können.

**Interpolieren und Synthetisieren**

Ein besonderes Augenmerk wurde bei der Entwicklung auf die Erzeugung des virtuellen Lebensmittelschäums gelegt. Verschiedene Parameterkonfigurationen und die unter dem Mikroskop gemessenen Blasendurchmesser der daraus resultierten Schäume dienen dabei als Datengrundlage. Diese Daten können als Messpunkte in einem mehrdimensionalen Raum verstanden werden, wobei die Parameterwerte die Koordinaten darstellen und die statistische Beschreibung den eigentlichen Messwert. Die von den Studierenden gewählten Parameterkonfigurationen definieren wiederum neue Koordi-

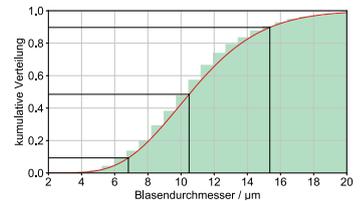


Abb. 1: Die theoretische Verteilung der Blasendurchmesser (rot) wird an gemessene Daten (grün) angepasst. Die Form der Verteilung wird für andere Parameterkombinationen interpoliert und anschliessend neue Blasendurchmesser entsprechend simuliert.

naten in diesem Raum, für welche die Verteilung der Blasengrössen (Abb. 1) durch Interpolation berechnet wird. Da im Labor zuerst der Schaum entsteht und dessen statistische Auswertung (Verteilung der Blasendurchmesser) durch die Analyse von Mikroskopie-Bildern erfolgt, wird auch dieser Prozess simuliert. So wird im Webbrowser dynamisch ein synthetisches Mikroskopie-Bild des Schaums erzeugt (Abb. 2), das eine Blasenverteilung gemäss der berechneten statistischen Beschreibung zeigt. Dieses Bild muss dann zuerst durch eine Bildanalyse ausgewertet werden, bevor die gewünschten Merkmale des Schaums sichtbar werden – genau wie im Labor, ausser dass die Studierenden noch Punkte sammeln, auf der Plattform vom Lehrling zum Fachexperten hochleveln, durch Unterstützung der Kommilitonen Coins sammeln, ihren Avatar personalisieren usw., aber das ist eine andere Geschichte. ■

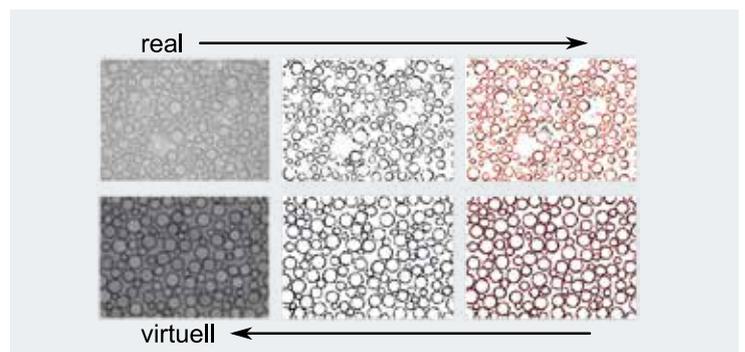


Abb. 2: Real (oben): Vom Mikroskopiebild eines Schaumes via Bildanalyse zur Messung der Blasendurchmesser. Virtuell (unten): Von simulierten Blasengrössen via Hinzufügen von Rauschen zu virtuellen Schäumen.

# Predicting Core Body Temperature using Machine Learning

Dr. Krzysztof Krzyszczuk, Head of research group Predictive Analytics, krys@zhaw.ch

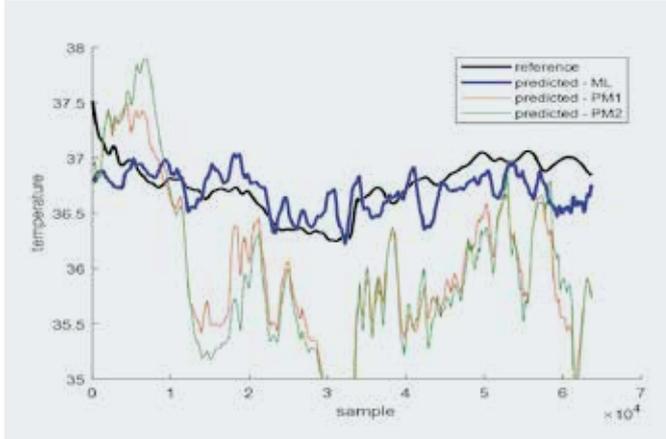


Figure 1: Comparison between the accuracy of physical models (PM1 and PM2) and the machine learning-based model (ML) on the task of virtual CBT measurement.

The core body temperature (CBT) and its daily or monthly cyclical fluctuations are important indicators of proper functioning of the healthy human organism. Despite its high diagnostic value and potential, the CBT measurement cannot be currently performed in a non-invasive fashion. Existing techniques that attempt to measure the CBT (in the ear canal, rectal, radio pill), are excessively invasive for every day, nonclinical applications. At the Predictive Analytics Group, we created a prototype of an affordable, non-invasive CBT measurement device, in partnership with greenTEG AG and Inselspital (Bern)\*. The device is based on an ensemble of skin surface

thermometer and greenTEGs proprietary thermal flux sensor, encapsulated in a wearable housing prototype. Using a set of machine learning (ML) algorithms to regress two-skin temperature and two heat flux measurements onto CBT value, the wearable device performs virtual core body temperature measurements.

During the project, we compared the ML approach to two first-principle based approaches to estimating CBT using heat flux and skin temperature (referred to as PM1 and PM2). We used the ingestible pill sensors as a reference. In our experiments, the ML approach outperformed the PM1 and PM2 models in the accuracy of CBT estimation (Figure 1), opening an avenue towards exciting applications of a non-invasive, wearable CBT monitoring device, such as detection of the onset of neurodegenerative diseases.

\*In cooperation with Inselspital Bern (Sandra Röthlisberger, Anneke Hertig-Godeschalk, David Schreier, Corinne Roth, Johannes Mathis) and greenTEG AG, Zürich (Michele Zahner, Iliia Britvitch, Lukas Durrer). ■

## Repeat please!

Dr. Maria Anisimova, Head of research group Computational Genomics anis@zhaw.ch

Protein repeats are abundant in all domains of life (Figure 1), and are known for associations with diseases and immune functions. Tandem repeats have been successfully exploited in bio-engineering due to modularity and designability. Matteo Delucchi and Maria Anisimova at the Applied Computational Genomics Team have concluded a large-scale study of protein repeats, their functional significance, and mechanisms of their origin. For the first time, they systematically examined the interplay of tandem repeats with intrinsic disorder, and compared the repeat distributions of viral proteomes and their hosts. Based on state-of-the-art computational methods, the study unveils an unprecedented level of detail on the repeat universe. The results suggest that tandem repeats mostly originate by duplication and are involved in essential functions such as transcription processes, structural organization, electron-transport, iron-binding, and virulence. This work is funded by SBF/SNF grant IZC-NZ0-174836, EU grant REFRACT H2020-MS-CA-RISE-2018 and COST action BM1405. ■

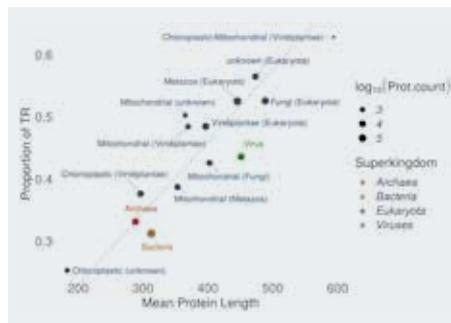


Figure 1: Protein repeats are abundant in all domains of life. Displayed is the linear correlation of mean protein length vs. proportion of proteins containing tandem repeats (TR), from Delucchi, Schaper, Sachenkova-Lundström, Elofsson, Anisimova (submitted to Protein & Cell).

## Neue Projekte

**Simulation und Layoutplanung  
Fahrzeugsanierung SBB IW Olten**  
Leitung: melih.derman@zhaw.ch  
Dauer: 1.2.2019–30.12.2020  
Projektpartner: SBB AG – Anlagenmanagement Mitte, Olten

**The effect of programmed ribosomal  
frameshifting on codon usage bias**  
Leitung: maria.anisimova@zhaw.ch  
Dauer: 1.3.2019–1.3.2022  
Projektpartner: Schweizerischer Nationalfonds SNF, Bern

**Simulationsgestützte Optimierung der  
Prozesse einer vollautomatisierten  
Produktionslinie auf dem geplanten  
Layout mit erhöhtem Detaillierungsgrad**  
Leitung: tatiana.starostina@zhaw.ch  
Dauer: 1.6.2019–30.12.2020  
Projektpartner: Roche Diagnostics International Ltd, Rotkreuz

**Impulse: Digitale Simulation zur  
individualisierten Fertigung von  
3D-Nanofasern und Integration in  
Vollschutzanzug für Pandemiefälle**  
Leitung: christian.adlhart@zhaw.ch und sven.hirsch@zhaw.ch  
Dauer: 1.6.2019–1.6.2021  
Beteiligte Institute: IAS, ICBT  
Projektpartner: TB-Safety AG, Frick; Universitätsspital Basel, Basel; Labor Spiez, Spiez; mitfinanziert durch Innosuisse (KTI), Bern

**Repeat protein Function,  
Refinement, Annotation and  
Classification of Topologies**  
Leitung: maria.anisimova@zhaw.ch  
Dauer: 1.6.2019–31.5.2023  
Projektpartner: H2020-MS-CA-RISE-2018 REFRACT Consortium (EU mit latein-amerikanischen Partnern)

**Virtual sensor for a wearable device for  
early detection of symptoms of possible  
neurodegenerative diseases**  
Leitung: krzysztof.krzyszczuk@zhaw.ch  
Dauer: 1.10.2019–31.3.2021  
Projektpartner: GreenTEC AG, Zürich; Inselspital Bern, Bern

**Weitere Projekte**  
[zhaw.ch/ias/projekte](https://zhaw.ch/ias/projekte)

## Weiterbildung

Diverse Kurse sowie CAS Digital Basics in Life Sciences geplant.

**Infos und Anmeldung**  
[zhaw.ch/ias/weiterbildung](https://zhaw.ch/ias/weiterbildung)