

(pieczęć wydziału)

## KARTA PRZEDMIOTU

--	--	--

<b>1. Nazwa przedmiotu:</b> MODELOWANIE BIOSYSTEMÓW		<b>2. Kod przedmiotu:</b>		
<b>3. Karta przedmiotu ważna od roku akademickiego:</b> 2012				
<b>4. Forma kształcenia:</b> studia pierwszego stopnia				
<b>5. Forma studiów:</b> studia stacjonarne				
<b>6. Kierunek studiów:</b> BIOTECHNOLOGIA; WYDZIAŁY AEII, CH, ISIE				
<b>7. Profil studiów:</b> ogólnoakademicki				
<b>8. Specjalność:</b> BIOTECHNOLOGIA W OCHRONIE ŚRODOWISKA, BIOTECHNOLOGIA PRZEMYSŁOWA, BIOINFORMATYKA				
<b>9. Semestr:</b> 5, 6				
<b>10. Jednostka prowadząca przedmiot:</b> Instytut Automatyki				
<b>11. Prowadzący przedmiot:</b> Prof. Dr hab. inż. Andrzej Świerniak, dr hab. inż. Joanna Polańska				
<b>12. Przynależność do grupy przedmiotów:</b> przedmioty wspólne				
<b>13. Status przedmiotu:</b> obowiązkowy				
<b>14. Język prowadzenia zajęć:</b> polski				
<b>15. Przedmioty wprowadzające oraz wymagania wstępne:</b> matematyka, biostatystyka i biometria, biologia komórkowa, biologia molekularna i genetyka ogólna, ochrona środowiska, informatyka. Zakłada się, że przed rozpoczęciem nauki niniejszego przedmiotu student posiada przygotowanie w zakresie rachunku różniczkowego i całkowego, badania przebiegu funkcji, rozwiązywania równań różniczkowych liniowych, wyznaczania podstawowych parametrów statystycznych dla danych eksperymentalnych, kinetyki cyklu komórkowego, podstawowych praw biologii molekularnej i genetyki, podstawowych własności systemów ekologicznych. Student posiada też przygotowanie do korzystania z pakietów systemu Matlab-Simulink i potrafi pisać własne proste aplikacje programowe.				
<b>16. Cel przedmiotu:</b> Celem przedmiotu jest nauczenie studentów metodyki i technik modelowania systemów biologicznych istotnych dla procesów biotechnologii przemysłowej, środowiskowej i medycznej. a także prostych metod analizy własności rozwiązań tych modeli i dopasowywania ich do danych..				
<b>17. Efekty kształcenia:</b> <sup>1</sup>				
Nr	Opis efektu kształcenia	Metoda sprawdzenia efektu kształcenia	Forma prowadzenia zajęć	Odniesienie do efektów dla kierunku studiów
W1	Zna sposoby budowania modeli matematycznych dla prostych systemów biologicznych a w szczególności modeli dynamiki wzrostu populacji izolowanych oraz interakcji między populacjami.	EP	WT, WM	K_W01, K_W02, K_W09, K_W20, K_W22

<sup>1</sup> należy wskazać ok. 5 – 8 efektów postać i parametry kształcenia

W2	Zna metody dopasowywania modeli do danych eksperymentalnych pochodzących z doświadczeń biologicznych lub danych statystycznych	EP	WT, WM	K_W01, K_W02, K_W09, K_W21, K_W22
W3	Rozumie metodykę poszukiwania rozwiązań i badania ich własności dla prostych modeli dynamicznych biosystemów.	PS	WT, C	K_W01, K_W02, K_W07, K_W10, K_W22
U1	Potrafi wyznaczyć rozwiązanie dla prostych modeli dynamiki populacyjnej	SP, EP, CL	C, L	K_U06, K_U07, K_U26, K_U27
U2	Potrafi zaproponować algorytm i numerycznie wyznaczyć rozwiązania dla prostych modeli biosystemów	SP, CL, PS	L	K_U06, K_U07, K_U12, K_U26, K_U27, K_U29
U3	Potrafi dopasować postać i parametry modelu do danych eksperymentalnych	EP, CL, PS	L	K_U06, K_U07, K_U09, K_U26, K_U27
K1	potrafi określić priorytet oraz identyfikować i rozstrzygać dylematy związane z realizacją określonego przez siebie i innych zadania oraz rozumie potrzebę uczenia się przez całe życie	SP, CL, PS	L	K_K01, K_K03
<b>18. Formy zajęć dydaktycznych i ich wymiar (liczba godzin)</b>				
W. 45    Ćw.15    L. 30    P.    Sem.				

## 19. Treści kształcenia:

### Wykład:

Przykłady modeli matematycznych w biologii i biotechnologii: modele kompartmentalne, różniczkowe, różnicowe, probabilistyczne.

Modele wzrostu populacji izolowanych: model maltuzjanski ciągły i dyskretny, Gompertza, logistyczny ciągły i dyskretny, Michaelisa-Menten. Proces Galtona –Watsona i jego wykorzystanie do modelowania wzrostu populacji komórkowych.

Modelowanie strukturalne, modele kompartmentalne, przykłady liniowych modeli kompartmentalnych, modele biologii enzymów, modele cyklu komórkowego, modele ze struktura wiekową.

Analiza własności wybranych modeli dynamicznych biosystemów. Modele interakcji międzypopulacyjnych, modele układu drapieżnik-ofiara (Lotki-Volterra), metoda płaszczyzny fazowej, wpływ kryjówek i samoograniczenia ofiar. Modelowanie odpowiedzi immunologicznej układu odpornościowego na antygen (model Marczuka). Zagadnienia stabilności modeli konkurujących populacji. Zastosowanie teorii gier do modelowania interakcji międzypopulacyjnych oraz ewolucji wewnątrzpopulacyjnej, równowaga ewolucyjna i odporność na mutanta. Zasady modelowania szlaków sygnałowych w sieciach genowo-komórkowych.

Przegląd metod dopasowania modeli do danych eksperymentalnych: metoda największej wiarygodności, metoda momentów, metoda najmniejszych kwadratów oraz minimalnej wariancji. Statyczne modele stochastyczne jedno- i wielowymiarowe – zasady konstrukcji i metody weryfikacji znamienności.

Uogólnione modele liniowe: regresja liniowa i logistyczna – w zastosowaniu do analizy danych klinicznych i tła genetycznego chorób autoimmunologicznych.

Stochastyczne modele dynamiczne: wyznaczanie trajektorii i ocena parametrów – na przykładzie modelowania dynamiki procesu napraw jednoniciowych uszkodzeń DNA

Modele w postaci mieszanin rozkładów prawdopodobieństwa i ich zastosowanie do analizy danych z mikromacierzy DNA oraz spektrów proteomicznych.

### Ćwiczenia tablicowe

Modele wzrostu pojedynczych populacji z czasem dyskretnym i ciągłym

Przykłady modeli nieliniowych i probabilistycznych

Konstrukcja i analiza modeli kompartmentalnych

Modele populacji oddziaływających na siebie

Własności modelu układu drapieżnik-ofiara

Badanie modelu odpowiedzi immunologicznej

Konstrukcja prostych modeli szlaków sygnałowych

### Zajęcia laboratoryjne

Modelowanie prostych modeli wzrostu populacji izolowanych

Modele kompartmentalne statystyczne i deterministyczne

Modelowanie odpowiedzi systemu immunologicznego

Modele układu drapieżnik-ofiara (model Lotki – Volterra i modyfikacje)

Modele teoriogrowe w dynamice populacyjnej

Proste modele szlaków sygnałowych

Dopasowywanie modeli do danych eksperymentalnych

Uogólnione modele liniowe

Modele złożone, mieszaniny rozkładów

**20. Egzamin: tak, pisemny**

**21. Literatura podstawowa:**

U. Foryś: Matematyka w biologii, WNT, Warszawa, 2005

J. D. Murray: Mathematical Biology, Springer, 1993

**22. Literatura uzupełniająca:**

M. Eisen: Mathematical models in cell biology and cancer chemotherapy, Springer Verlag, Berlin, 1979

J. Uchmański: Klasyczna ekologia matematyczna, PWN, Warszawa, 1992

R. Durbin, S. Eddy, A. Krogh, G. Mitchison: Biological sequence analysis, Cambridge Univ. Press, 1998

**23. Nakład pracy studenta potrzebny do osiągnięcia efektów kształcenia**

Lp.	Forma zajęć	Liczba godzin kontaktowych / pracy studenta
1	Wykład	45/45
2	Ćwiczenia	15/15
3	Laboratorium	30/30
4	Projekt	0/0
5	Seminarium	0/0
6	Inne	30/30
	Suma godzin	120/90

**24. Suma wszystkich godzin: 210**

**25. Liczba punktów ECTS:<sup>2</sup> 7**

**26. Liczba punktów ECTS uzyskanych na zajęciach z bezpośrednim udziałem nauczyciela akademickiego: 4**

**27. Liczba punktów ECTS uzyskanych na zajęciach o charakterze praktycznym (laboratoria, projekty): 2**

**28. Uwagi:**

Zatwierdzono:

.....  
(data i podpis prowadzącego)

.....  
(data i podpis dyrektora instytutu/kierownika katedry/  
Dyrektora Kolegium Języków Obcych/kierownika lub  
dyrektora jednostki międzywydziałowej)

---

<sup>2</sup> 1 punkt ECTS – 30 godzin.