



KARTA OPISU PRZEDMIOTU - SYLABUS

Nazwa przedmiotu

Modelowanie procesów biologicznych [S2Bioinf1>MPB]

Przedmiot

Kierunek studiów
Bioinformatyka

Rok/Semestr
1/2

Studia w zakresie (specjalność)
–

Profil studiów
ogólnoakademicki

Poziom studiów
drugiego stopnia

Język oferowanego przedmiotu
polski

Forma studiów
stacjonarne

Wymagalność
obligatoryjny

Liczba godzin

Wykład
15

Laboratorium
15

Inne (np. online)
0

Ćwiczenia
0

Projekty/seminaria
0

Liczba punktów ECTS

2,00

Koordynatorzy

prof. dr hab. inż. Piotr Formanowicz
piotr.formanowicz@put.poznan.pl

Wykładowcy

prof. dr hab. inż. Piotr Formanowicz
piotr.formanowicz@put.poznan.pl

Wymagania wstępne

Student rozpoczynający ten przedmiot powinien mieć podstawową wiedzę i umiejętności z zakresu matematyki dyskretnej, analizy matematycznej i algebry liniowej oraz powinien znać podstawowe zjawiska i procesy zachodzące w świecie ożywionym i rozumieć ich podstawy biochemiczne. Ponadto student powinien prezentować takie postawy jak uczciwość, odpowiedzialność, wytrwałość, ciekawość poznawcza, kreatywność, kultura osobista, szacunek dla innych ludzi.

Cel przedmiotu

Celem przedmiotu jest przedstawienie studentom możliwości modelowania i analizy złożonych procesów biologicznych za pomocą wybranych metod i technik matematycznych oraz informatycznych.

Przedmiotowe efekty uczenia się

Wiedza:

1. Student zna i rozumie podstawowe zjawiska i procesy biologiczne, a ich interpretację opiera na podstawach empirycznych, wykorzystując metody matematyczne.
2. Student zna i rozumie zagadnienia z zakresu matematyki przydatne do formułowania i rozwiązywania prostych zadań bioinformatycznych, obejmujące matematykę dyskretną, algebrę, analizę

matematyczną, rachunek prawdopodobieństwa i statystykę.

3. Student zna i rozumie podstawowe metody, techniki i narzędzia wykorzystywane w procesie rozwiązywania zadań bioinformatycznych, głównie o charakterze inżynierskim.

4. Student zna i rozumie podstawy teoretyczne modelowania procesów biologicznych.

5. Student zna i rozumie trendy rozwojowe bioinformatyki.

Umiejętności:

1. Student potrafi pozyskiwać informacje z literatury, baz danych oraz innych właściwie dobranych źródeł, także w języku angielskim.

2. Student potrafi integrować i interpretować uzyskane informacje, a także wyciągać wnioski oraz formułować i uzasadniać swoje opinie.

3. Student potrafi stosować techniki i narzędzia informatyczne do rozwiązywania problemów biologicznych, oceniać ich przydatność.

4. Student potrafi pod kierunkiem opiekuna naukowego stosować metody analityczne i symulacyjne do formułowania i rozwiązywania zadań badawczych.

5. Student potrafi stosować metody statystyczne oraz algorytmy i techniki informatyczne do opisu procesów biologicznych i analizy danych.

6. Student dostrzega systemowe i pozatechniczne aspekty podejmowanych zadań bioinformatycznych.

Kompetencje społeczne:

1. Student jest gotów do uczenia się przez całe życie i podnoszenia swoich kompetencji.

2. Student jest gotów do współdziałania i pracy w grupie, przyjmując w niej różne role.

Metody weryfikacji efektów uczenia się i kryteria oceny

Efekty uczenia się przedstawione wyżej weryfikowane są w następujący sposób:

W zakresie wykładów na podstawie kolokwium zaliczeniowego.

W zakresie laboratorium na podstawie bieżącej oceny postępów pracy oraz na podstawie projektu przygotowanego pod koniec semestru.

Treści programowe

W ramach wykładów omawiane są następujące zagadnienia:

1. Wprowadzenie do metod matematycznego modelowania i analizy procesów biologicznych.

2. Przegląd wybranych metod modelowania i analizy procesów biologicznych.

3. Elementy teorii sieci Petriego.

4. Metody analizy procesów biologicznych za pomocą sieci Petriego.

5. Rozszerzenia sieci Petriego.

6. Wybrane zagadnienia związane z wykorzystaniem równań różniczkowych do modelowania i analizy procesów biologicznych.

7. Zastosowanie metod agentowych do modelowania i analizy procesów biologicznych.

W ramach laboratoriów studenci w pierwszej części semestru modelują oraz analizują proste procesy biologiczne za pomocą wybranych metod omawianych na wykładzie, a w drugiej części semestru na podstawie polecanej przez osobę prowadzącą zajęcia specjalistycznej literatury opracowują model złożonego procesu biologicznego oraz analizują jego własności za pomocą odpowiednio dobranych metod.

Metody dydaktyczne

Wykład: prezentacja multimedialna uzupełniana przykładami podawanymi na tablicy.

Laboratorium: dyskusja ze studentami na temat możliwości praktycznego wykorzystania poznanych w ramach wykładów metod do modelowania i analizy wybranych procesów biologicznych.

Literatura

Podstawowa

1. I. Koch, W. Resing, F. Schreiber (Eds.). Modeling in Systems Biology. The Petri Net Approach. Springer, London 2011.

2. J. D. Murray. Wprowadzenie do biomatematyki. PWN, Warszawa 2006.

3. Z. Szallasi, J. Stelling, V. Periwal (Eds.). System Modeling in Cellular Biology. From Concepts to Nuts and Bolts. The MIT Press, Cambridge, Massachusetts 2006.

4. C. H. Taubes. Modeling Differential Equations in Biology. Cambridge University Press, Cambridge 2008.

Uzupełniająca

1. D. Formanowicz, A. Kozak, T. Głowacki, M. Radom, P. Formanowicz. Hemojuvelin-hepcidine axis modeled and analyzed using Petri nets. Journal of Biomedical Informatics. 46 (2013) 1030-1043.

2. E. Klipp, W. Liebermeister, Ch. Wierling, A. Kowald, H. Lehrach, R. Herwig. Systems Biology. A Textbook. Wiley-Blackwell, Weinheim 2009.

3. J. B. Reece, L. A. Urry, M. L. Cain, S. A. Wasserman, P. V. Minorsky, R. B. Jackson. Biologia Campbella. REBIS, Poznań 2016.

Bilans nakładu pracy przeciętnego studenta

	Godzin	ECTS
Łączny nakład pracy	50	2,00
Zajęcia wymagające bezpośredniego kontaktu z nauczycielem	30	1,00
Praca własna studenta (studia literaturowe, przygotowanie do zajęć laboratoryjnych/ćwiczeń, przygotowanie do kolokwίων/egzaminu, wykonanie projektu)	20	1,00