

## RTU studiju kurss "Metabolisma matemātiskā modelēšana"

32000 Dabaszinātņu un tehnoloģiju fakultāte

**Vispārējā informācija**

Kods	LUK712
Nosaukums	Metabolisma matemātiskā modelēšana
Studiju kursa statuss programmā	Obligātais/Ierobežotās izvēles
Atbildīgais mācībspēks	Tālis Juhna - Doktors, Profesors
Mācībspēks	Iveta Lauva - Zinātniskais asistents
Apjoms daļās un kredītpunktos	1 daļa, 3.0 kredītpunkti
Studiju kursa īstenošanas valodas	LV, EN
Anotācija	Studiju kursu īsteno Latvijas Universitāte, kursa izstrādātāji ir Egils Stalidzāns un Uldis Kalnenieks. Studiju kursā tiek apskatīta dažādu modelēšanas pieeju loma metaboliskajā inženierijā. Modelēšana tiek apskatīta vielmaiņas procesu simulēšanas un optimizācijas nolūkos. Semināros tiek analizēti zinātniskie raksti, ar modelēšanas pielietojumiem. Pilnu studiju kursu skatīt: <a href="https://www.lu.lv/studijas/studiju-celvedis/programmu-un-kursu-katalogi/kursu-katalogs/?tx_lustudycatalogue_pi1[action]=detail&amp;tx_lustudycatalogue_pi1[controller]=Course&amp;tx_lustudycatalogue_pi1[course]=Biol2059">https://www.lu.lv/studijas/studiju-celvedis/programmu-un-kursu-katalogi/kursu-katalogs/?tx_lustudycatalogue_pi1[action]=detail&amp;tx_lustudycatalogue_pi1[controller]=Course&amp;tx_lustudycatalogue_pi1[course]=Biol2059</a> .
Mērķis un uzdevumi, izteikti kompetencēs un prasmēs	Studiju kursa mērķis ir nodrošināt studentiem iespēju apgūt pamatzināšanas par matemātiskās modelēšanas pielietojumiem vielmaiņas procesu aprakstā un optimizācijā. Studiju kursa uzdevumi: 1) iepazīstināt ar kinētisko modeļu veidošanas principiem un pielietojamību; 2) sniegt zināšanas par stehiometriskās modelēšanas pamatpieņēmumiem, izveidi un pielietojamību; 3) attīstīt prasmes izmantot iteratīvu kinētisko un stehiometrisko modeļu pielietojumu metaboliskās inženierijas uzdevumos; 4) izpētīt modelēšanas rezultātu ieviešanas riski mikroorganismu inženierijā.
Patstāvīgais darbs, tā organizācija un uzdevumi	1. Izveidot modeli un novērtēt parametrus modelim COPASI bezmaksas programmatūrā. Darba aprakstu un izejas datus nodrošina pasniedzējs. 2. Optimizēt modeli COPASI bezmaksas programmatūrā. Darba aprakstu un izejas datus nodrošina pasniedzējs.
Literatūra	Obligātā / Obligatory: 1) Brock, Biology of Microorganisms, 2012, Pearson, 1150 pp. 2) Collado-Vides, J., Hofestadt, R., Gene regulation and metabolism: postgenomic computational approaches, ed. by 2002, Massachusetts Institute of Technology, 310 pp. 3) Fondi, M. (ed.) Metabolic Network Reconstruction and Modeling, 2017, Springer 410 pp. Papildu / Additional: 1) Klipp, E., Liebermeister, W., Wierling, C., Kowald, A., Lehrach, H., Herwig, R. Systems Biology: A Textbook, 2011, Willey-Blackwell, p. 592. 2) Palsson, B. Systems biology: properties of reconstructed networks, 2006, Cambridge University Press, p.289. Citi informācijas avoti / Other sources of information: 1) Journal "Biosystems", Elsevier. 2) Journal "BMC Systems Biology", Biomedcentral. 3) Journal "Metabolic engineering", Elsevier.
Nepieciešamās priekšzināšanas	Mikrobioloģijas pamati. Metabolisms.

**Studiju kursa saturs**

Saturs	Pilna un nepilna laika klātienēs studijas		Nepilna laika neklātienēs studijas	
	Kontakt stundas	Patstāv. darbs	Kontakt stundas	Patstāv. darbs
Ievads. Sistēmbioloģijas un sintētiskās bioloģijas vēsture, izaicinājumi un attīstības perspektīvas tuvākajā nākotnē.	4	6	0	0
Modelēšanas metožu daudzveidība vielmaiņā, to pielietojamība biotehnoloģisko procesu analizē un inženierijā.	4	6	0	0
Modeļu izveides, validācijas un optimizācijas fāzes. Kinētiskie modeļi, to izveide, parametru noteikšana un optimizācija COPASI vidē.	4	6	0	0
Aminoskābju resursu un homeostatisko ierobežojumu ieviešana vielmaiņas kinētiskajos modeļos un ierobežojumu ietekme uz risinājumu telpu.	4	6	0	0
Stacionārā stāvokļa pieņēmums vielmaiņas modelēšanā. Metaboliskās rekonstrukcijas un stehiometriskā modeļa jēdzieni. Rekonstrukciju un stehiometrisko modeļu izveide.	4	6	0	0
Risinājumu telpas analīze sintētiskās bioloģijas uzdevumos. Realizācijas risku un optimalitātes novērtējums.	4	6	0	0
Modelēšanas pielietojumi sistēmbioloģijā un sintētiskajā bioloģijā (tiek aplūkots semināros visa studiju kursa gaitā, paralēli punktiem 1-6).	8	12	0	0

### Sasniedzamie studiju rezultāti un to vērtēšana

Sasniedzamie studiju rezultāti	Rezultātu vērtēšanas metodes
Izprot stacionāru un dinamisku procesu raksturošanas metodes. Prot raksturot vielmaiņas modeļu izveidi, parametru novērtēšanu un optimizāciju.	Modeļa izveide un parametrizācija ar COPASI. Rakstisks eksāmens.
Prot kritiski izvērtēt modeļa adekvātumu pētāmajam bioloģiskajam procesam atkarībā no modelī ieviestajiem ierobežojumiem; adekvāti pielietot kinētisko un stehiometrisko modeļus, atkarībā no uzdevuma nostādnes. Spēj pielietot T vielmaiņas datormodeļu datu bāzes un dažādas manuālās pārbaudes pakāpes.	Modeļa izveide un parametrizācija ar COPASI. Modeļa optimizācija ar COPASI. Rakstisks eksāmens.
Spēj pielietot vielmaiņas modeļu izveides pamatprincipus kinētisko un stehiometrisko modeļu gadījumos un izvērtēt reakciju kinētisko vienādojumu piemērotību.	Modeļa optimizācija ar COPASI. Rakstisks eksāmens.

### Studiju rezultātu vērtēšanas kritēriji

Kritērijs	% no kopējā vērtējuma
Modeļa izveide un parametrizācija ar COPASI	30
Modeļa optimizācija ar COPASI	30
Rakstisks eksāmens	40
Kopā:	100

### Studiju kursa plānojums

Daļa	KP	Stundas			Pārbaudījumi		
		Lekcijas	Prakt d.	Laborat	Ieskaite	Eksām.	Darbs
1.	3.0	1.0	1.0	0.0		*	