

1.	Nazwa kierunku	inżynieria biomedyczna
2.	Wydział	Wydział Nauk Ścisłych i Technicznych
3.	Cykl rozpoczęcia	2022/2023 (semestr zimowy)
4.	Poziom kształcenia	studia pierwszego stopnia (inżynierskie)
5.	Profil kształcenia	ogólnoakademicki
6.	Forma prowadzenia studiów	stacjonarna

Moduł kształcenia: Podstawy modelowania biomateriałów metodą dynamiki molekularnej

Kod modułu: 08-IBIB-S1-17-5-PMBM

1. Liczba punktów ECTS: 5

2. Zakładane efekty uczenia się modułu			
kod	opis	efekty uczenia się kierunku	stopień realizacji (skala 1-5)
k_1	Wiedza z zakresu podstaw matematycznych i fizycznych metody klasycznej dynamiki molekularnej	W01 W03 W06	3 2 1
k_2	Znajomość zasad projektowania algorytmów symulacji komputerowych metodą klasycznej dynamiki molekularnej	W13	2
k_3	Umiejętność analizy zagadnienia inżynierskiego, doboru właściwego algorytmu oraz projektowania programów do symulacji wybranych zjawisk i procesów fizykochemicznych oraz właściwości biomateriałów metodą dynamiki molekularnej	U01 U10	3 2
k_4	Umiejętność opracowania dokumentacji dotyczącej realizacji symulacji oraz zawierającej omówienie jej wyników	U03	3
k_5	Odpowiedzialność za pracę własną oraz umiejętność określania priorytetów i podziału zadania w pracy zespołowej	K03	3

3. Opis modułu	
Opis	Moduł Podstawy modelowania biomateriałów metodą dynamiki molekularnej ma umożliwić studentowi/studentce poznanie zagadnień praktycznego wykorzystania klasycznej dynamiki molekularnej do symulacji zjawisk i procesów w materiałach do zastosowań biomedycznych. Dzięki temu student/studentka powinna rozumieć znaczenie eksperymentu komputerowego nie tylko w opisie właściwości fizyko-chemicznych biomateriałów, ale również w projektowaniu nowych biomateriałów inżynierskich do zastosowań technicznych i medycznych. Realizacja powyższych celów będzie wymagała poznania podstaw matematyczno-fizycznych metody dynamiki molekularnej oraz jej ograniczeń. Moduł umożliwi również nabycie praktycznych umiejętności w zakresie projektowanie algorytmów oraz tworzenia programów w środowisku wybranego pakietu programowego dedykowanego do symulacji metodą klasycznej dynamiki molekularnej.
Wymagania wstępne	

4. Sposoby weryfikacji efektów uczenia się modułu			
kod	nazwa (typ)	opis	efekty uczenia się modułu
k_w_1	kolokwium pisemne	Sprawdzenie wiadomości w zakresie podstaw teoretycznych klasycznej dynamiki molekularnej	k_1, k_2
k_w_2	sprawdzian praktyczny	Sprawdzenie umiejętności projektowania algorytmu oraz tworzenia programu dla rozwiązywaniu problemu obliczeniowego - symulacji wybranego procesu fizykochemicznego. Wykonanie sprawozdania z realizacji ćwiczenia.	k_1, k_2, k_3, k_4
k_w_3	Raport z zadania zespołowego	Uzasadnienie wybranego sposobu rozwiązania zagadnienia symulacyjnego, wizualizacja oraz dyskusja otrzymanych wyników.	k_1, k_2, k_3, k_4, k_5

5. Rodzaje prowadzonych zajęć						
kod	rodzaj prowadzonych zajęć			praca własna studenta		sposoby weryfikacji efektów uczenia się
	nazwa	opis (z uwzględnieniem metod dydaktycznych)	liczba godzin	opis	liczba godzin	
k_fs_1	wykład	Wykład ma umożliwić zrozumienie podstaw matematyczno-fizycznych oraz zasad doboru i projektowania algorytmów symulacji metodą klasycznej dynamiki molekularnej w zastosowaniu do modelowania wybranych procesów fizykochemicznych w biomateriałach. Wykład prowadzony jest z wykorzystaniem środków multimedialnych.	15	Praca ze wskazaną literaturą obejmująca samodzielne opanowanie wiedzy w zakresie zagadnień wykładu.	35	k_w_1
k_fs_2	laboratorium	Praktyczne stosowanie metody dynamiki molekularnej do symulacji wybranych zjawisk i procesów fizykochemicznych w określonych biomateriałach. Projektowanie algorytmów i tworzenie programów w wybranym środowisku dedykowanym do realizacji symulacji metodą dynamiki molekularnej. Ćwiczenia wykonywane są indywidualnie przez studentów na wspólny lub indywidualny temat z wykorzystaniem sprzętu i oprogramowania dostępnego w pracowni komputerowej.	30	Przygotowanie do ćwiczeń poprzez samodzielną analizę zagadnienia inżynierskiego oraz przygotowanie ramowego projektu algorytmu realizacji wybranych symulacji.	45	k_w_2, k_w_3