

Rekrutacja do Szkoły Doktorskiej w Uniwersytecie Śląskim w Katowicach na rok akademicki 2026/2027

Admission to the Doctoral School at the University of Silesia in Katowice for academic year 2026/2027

Nauki fizyczne temat nr 18	Physical sciences topic No. 18
<p>Statystyka czasów życia i korelacje długozasięgowe w dynamice kanałów jonowych: teoretyczna rekonstrukcja stanów funkcjonalnych</p>	<p>Dwell-time statistics and long-range correlations in ion channel dynamics: a theoretical reconstruction of functional states</p>
<p>PhD supervisor: dr hab. Łukasz Machura, prof. UŚ</p>	
<p>Krótką charakterystyka założeń i celów badawczych</p> <p>Zastosowanie techniki patch-clamp umożliwia rejestrację elementarnych procesów transportu ładunku przez pojedyncze kanały jonowe z rozdzielczością pikoamperową. Choć tradycyjnie dynamikę bramkowania opisuje się dyskretnymi łańcuchami Markowa, sygnały te wykazują złożone cechy nieliniowe, takie jak korelacje długozasięgowe oraz nieklasyczne statystyki czasów przebywania w stanach funkcjonalnych. Sugeruje to istnienie ciągłej, losowej dynamiki konformacyjnej białka, której nie wyczerpują modele o skończonej liczbie stanów.</p> <p>Głównym celem projektu jest opracowanie i analiza teoretyczna matematycznych modeli bramkowania kanałów, opartych na formalizmie dynamiki Browna w ograniczonym potencjale. Wykorzystując nieliniowe równania Langevina, dążyć będziemy do konstrukcji minimalnego modelu fizycznego zdolnego do wiernej rekonstrukcji sygnału biologicznego. Kluczowe zadania obejmują (i) identyfikację parametrów potencjału i mechanizmów dyssypatywnych odpowiedzialnych za generowanie pamięci w układzie, (ii) wyznaczenie teoretycznych rozkładów statystycznych czasów życia stanów otwartego i zamkniętego w funkcji geometrii bariery energetycznej oraz (iii) opracowanie algorytmów klasyfikacji stanów sub-przewodzących,</p>	<p>Brief description of research assumptions and goals</p> <p>The application of the patch-clamp technique enables the recording of elementary charge transport processes through single ion channels with picoampere resolution. Although gating dynamics are traditionally described using discrete Markov chains, these signals exhibit complex nonlinear features, such as long-range correlations and non-classical dwell-time statistics within functional states. This suggests the existence of continuous, stochastic conformational protein dynamics that are not fully captured by models with a finite number of states.</p> <p>The primary objective of this project is the development and theoretical analysis of mathematical channel gating models based on the formalism of Brownian dynamics within a confined potential. Utilizing nonlinear Langevin equations, we aim to construct a minimal physical model capable of faithful reconstruction of the biological signal. Key tasks include: (i) identifying potential parameters and dissipative mechanisms responsible for generating memory effects within the system, (ii) determining theoretical statistical distributions of open and closed state dwell-times as a function of energy barrier geometry, and (iii) developing classification algorithms for sub-conductance states to extract subtle dynamical patterns hidden within measurement noise.</p>



<p>pozwalających na ekstrakcję subtelnych wzorców dynamiki ukrytych w szumie pomiarowym. Z uwagi na brak ogólnych rozwiązań analitycznych dla nieliniowych równań stochastycznych, projekt opiera się na zaawansowanym modelowaniu numerycznym. W ramach pracy rozwijane będzie autorskie oprogramowanie wykorzystujące architekturę CUDA (GPGPU), co pozwoli na masowo równoległe symulacje trajektorii stochastycznych i efektywne przeszukiwanie przestrzeni parametrów modelu. Integracja z danymi eksperymentalnymi zostanie zrealizowana poprzez dedykowany potok przetwarzania danych w języku Python (Pandas, Numpy, Matplotlib, Tensorflow), zapewniając rygorystyczną walidację modeli teoretycznych względem rzeczywistych sygnałów biologicznych.</p>	<p>Due to the lack of general analytical solutions for nonlinear stochastic equations, the project relies on advanced numerical modelling. As part of the work, proprietary software leveraging the CUDA (GPGPU) architecture will be developed, allowing for massively parallel simulations of stochastic trajectories and efficient exploration of the model's parameter space. Integration with experimental data will be implemented through a dedicated data processing pipeline in Python (Pandas, Numpy, Matplotlib, Tensorflow), ensuring rigorous validation of theoretical models against real-world biological signals.</p>
<p>Planowany wkład w rozwój dyscypliny Planowany wkład w rozwój dyscypliny koncentruje się na przełamaniu paradygmatu dyskretnych opisów markowskich poprzez wprowadzenie ciągłego formalizmu dynamiki stochastycznej do opisu mechanizmów bramkowania kanałów jonowych. Praca wniesie nową jakość do biofizyki teoretycznej poprzez wykazanie, że złożone zjawiska czasowe i korelacje długozasięgowe obserwowane w sygnałach biologicznych mogą być naturalną konsekwencją dyfuzji wewnątrzcząsteczkowej w nieliniowych polach sił, co rzuca nowe światło na termodynamikę białek błonowych. W wymiarze metodologicznym rozprawa dostarczy innowacyjnych narzędzi numerycznych opartych na wysokowydajnych obliczeniach równoległych GPGPU, które umożliwią badaczom symulowanie procesów stochastycznych z niespotykaną dotąd precyzją i skalą. Finalnie, opracowane algorytmy klasyfikacji i analizy statystycznej pozwolą na bardziej rygorystyczną interpretację danych eksperymentalnych typu patch-clamp, oferując nowe metody ekstrakcji informacji o ukrytych stanach funkcjonalnych, co bezpośrednio wpłynie na rozwój diagnostyki biofizycznej i zrozumienie molekularnych podstaw chorób związanych z kanałami jonowymi.</p>	<p>Planned contribution to the development of the discipline The planned contribution to the discipline focuses on shifting the paradigm from discrete Markovian descriptions toward a continuous stochastic dynamics formalism for describing ion channel gating mechanisms. This work will bring a new quality to theoretical biophysics by demonstrating that the complex temporal phenomena and long-range correlations observed in biological signals can be a natural consequence of intramolecular diffusion within nonlinear force fields, shedding new light on the thermodynamics of membrane proteins. Methodologically, the dissertation will provide innovative numerical tools based on high-performance GPGPU parallel computing, enabling researchers to simulate stochastic processes with unprecedented precision and scale. Finally, the developed classification and statistical analysis algorithms will allow for a more rigorous interpretation of patch-clamp experimental data, offering new methods for extracting information about hidden functional states, which will directly impact the development of biophysical diagnostics and the understanding of the molecular basis of channelopathies.</p>





Opis wymagań – wiedza, umiejętności i kompetencje społeczne kandydata

Kandydat powinien posiadać ugruntowaną wiedzę z fizyki statystycznej, teorii procesów stochastycznych oraz biofizyki molekularnej. Kluczowe jest zrozumienie dynamiki Browna, równań Langevina oraz mechanizmów transportu jonowego w kanałach białkowych, co pozwoli na swobodne łączenie abstrakcyjnych modeli matematycznych z rzeczywistymi zjawiskami biologicznymi i elektrofizjologicznymi rejestrowanymi techniką patch-clamp.

Wymagana jest biegłość w programowaniu naukowym w języku Python oraz umiejętność implementacji algorytmów numerycznych. Niezbędna jest zdolność do pracy z architekturą CUDA w celu optymalizacji obliczeń na GPU oraz doświadczenie w zaawansowanej analizie szeregów czasowych, obejmującej ekstrakcję sygnału z szumu i statystyczną walidację modeli względem danych eksperymentalnych.

Kandydat musi cechować się wysoką samodzielnością badawczą, determinacją w rozwiązywaniu problemów obliczeniowych oraz zdolnością do pracy na pograniczu dyscyplin. Oczekuje się umiejętności klarownej komunikacji naukowej w języku angielskim oraz dbałości o rzetelność i transparentność metodologiczną, zgodnie ze standardami otwartej nauki i odtwarzalności wyników.

Description of requirements – knowledge, skills and social competences of the candidate

The candidate should possess a solid background in statistical physics, stochastic processes, and molecular biophysics. A thorough understanding of Brownian dynamics, Langevin equations, and mechanisms of ionic transport in protein channels is essential, enabling the candidate to seamlessly link abstract mathematical models with real biological and electrophysiological phenomena recorded using the patch-clamp technique.

Proficiency in scientific programming in Python and the ability to implement numerical algorithms are required. Experience in working with CUDA architectures for GPU-based computational optimisation is essential, as is expertise in advanced time-series analysis, including signal extraction from noise and statistical validation of models against experimental data.

The candidate must demonstrate a high level of research independence, determination in solving computational problems, and the ability to work at the interface of multiple disciplines. Clear scientific communication skills in English are expected, along with a strong commitment to methodological rigor and transparency, in accordance with the principles of open science and reproducible research.

