



Matematyka stosowana
Karta opisu przedmiotu

Informacje podstawowe

<p>Kierunek studiów Bioinformatyka</p> <p>Specjalność -</p> <p>Jednostka organizacyjna Wydział Biologii i Hodowli Zwierząt</p> <p>Poziom studiów studia drugiego stopnia (magister inżynier)</p> <p>Forma studiów stacjonarne</p> <p>Profil studiów ogólnoakademicki</p>	<p>Cykl kształcenia 2024/25</p> <p>Kod przedmiotu BD000000BBIS.MI1B.1198.24</p> <p>Języki wykładowe polski</p> <p>Obligatoryjność Obowiązkowy</p> <p>Blok zajęciowy Przedmioty kierunkowe</p> <p>Dyscypliny Matematyka</p> <p>Przedmiot powiązany z badaniami naukowymi Nie</p> <p>Przedmiot kształtujący umiejętności praktyczne Nie</p>	
<p>Nauczyciel akademicki odpowiedzialny za przedmiot</p>	<p>Kamil Dyba</p>	
<p>Pozostali prowadzący</p>	<p>Kamil Dyba, Małgorzata Wnętrzak</p>	
<p>Okres Semestr 1</p>	<p>Forma zaliczenia Egzamin</p> <p>Forma prowadzenia i godziny zajęć Wykład: 30 Ćwiczenia laboratoryjne: 30</p>	<p>Liczba punktów ECTS 4.0</p>

Cele kształcenia dla przedmiotu

C1	Zaznajomienie studentów z algorytmami algebry liniowej w kontekście probabilistycznym i statystycznym jak wielowymiarowy rozkład normalny, modele liniowe i procesy Markowa
C2	Przećwiczenie poznanych algorytmów algebry liniowej w wybranym środowisku programistycznym.
C3	Nabycie przez studentów umiejętności modelowania wybranych problemów probabilistycznych za pomocą poznanych narzędzi matematycznych.

Efekty uczenia się dla przedmiotu

Kod	Efekty uczenia się w zakresie	Kierunkowe efekty uczenia się	Metody weryfikacji
Wiedzy - Student zna i rozumie:			
W1	wybrane algorytmy algebry liniowej użyteczne w kontekście probabilistycznym i statystycznym	BI_P7S_WG01, BI_P7S_WG03, BI_P7S_WG04, BI_P7S_WK06, BI_P7S_WK07	Egzamin pisemny, Egzamin ustny, Zaliczenie pisemne, Zaliczenie ustne, Kolokwium, Wykonanie ćwiczeń
Umiejętności - Student potrafi:			
U1	zaimplementować wybrane algorytmy algebry liniowej bądź posłużyć się gotowymi ich implementacjami w modelowaniu jak i w badaniach symulacyjnych	BI_P7S_UW07, BI_P7S_UW08, BI_P7S_UW09	Egzamin pisemny, Egzamin ustny, Zaliczenie pisemne, Zaliczenie ustne, Kolokwium, Wykonanie ćwiczeń

Bilans punktów ECTS

Forma aktywności studenta	Średnia liczba godzin* przeznaczonych na zrealizowane aktywności	
Wykład	30	
Ćwiczenia laboratoryjne	30	
Przygotowanie do ćwiczeń	40	
Przygotowanie do egzaminu/zaliczenia	10	
Udział w egzaminie	3	
Łączny nakład pracy studenta	Liczba godzin 113	ECTS 4.0
Zajęcia z bezpośrednim udziałem nauczyciela	Liczba godzin 63	ECTS 2.2
Nakład pracy związany z zajęciami o charakterze praktycznym	Liczba godzin 30	ECTS 1.0

* godzina (lekcyjna) oznacza 45 minut

Treści programowe

Lp.	Treści programowe	Formy prowadzenia zajęć
1.	1. Podstawowe operacje na wektorach i macierzach: mnożenie, odwracanie 2. Rozkład spektralny macierzy nieujemnie określonej. Rozkład Choleskiego. Uogólniona macierz odwrotna 3. Parametry wielowymiarowego rozkładu normalnego. Wektor średnich próbkowych i próbkowa macierz kowariancji 4. Metoda najmniejszych kwadratów w ujęciu macierzowym 5. Rozkłady LU, QR i SVD macierzy i ich wykorzystanie w metodzie najmniejszych kwadratów 6. Identyfikacja obserwacji wpływowych w oparciu o dźwignie 7. Podstawowe pojęcia rachunku prawdopodobieństwa: prawdopodobieństwo warunkowe, prawdopodobieństwo całkowite, niezależność zdarzeń losowych, zmienna losowa, wektor losowy, rozkład warunkowy, proces stochastyczny 8. Łącuchy Markowa: definicja, jednorodność w czasie, macierz prawdopodobieństw przejść, równania Chapmana-Kołmogorowa, klasyfikacja stanów, rozkład stacjonarny jednorodnego łańcucha Markowa, odwracalne łańcuchy Markowa, twierdzenia ergodyczne 9. Modelowanie zjawisk losowych łańcuchami Markowa 10. Procesy Markowa w czasie ciągłym: definicja, ciągła półgrupa Markowa, macierz intensywności przejść, rozkład stacjonarny, proces stacjonarny, odwracalne procesy Markowa, zbieżność prawdopodobieństw przejść do rozkładu stacjonarnego, twierdzenia ergodyczne 11. Modelowanie zjawisk losowych procesami Markowa w czasie ciągłym	Wykład
2.	Praktyczne wykorzystanie wiedzy przedstawionej na wykładzie przez rozwiązywanie zadań, częściowo z wykorzystaniem narzędzi i bibliotek programistycznych w środowisku R Studio.	Ćwiczenia laboratoryjne

Informacje rozszerzone

Metody nauczania:

Pracownia komputerowa, Wykład, Ćwiczenia

Aktywności	Metody zaliczenia	Udział procentowy w ocenie łącznej przedmiotu
Wykład	Egzamin pisemny, Egzamin ustny	50%
Ćwiczenia laboratoryjne	Zaliczenie pisemne, Zaliczenie ustne, Kolokwium, Wykonanie ćwiczeń	50%

Wymagania wstępne

przedmioty matematyczne objęte programem studiów I stopnia na kierunku bioinformatyka, w szczególności: "Algebra liniowa z elementami matematyki dyskretniej", "Analiza matematyczna", "Wprowadzenie do rachunku prawdopodobieństwa", "Estymacja parametrów", "Pakiety statystyczne", "Testowanie hipotez" lub równoważne im pod względem realizowanych treści programowych

Literatura

Obowiązkowa

1. T. Jurlewicz, Z. Skoczylas, "Algebra liniowa 1. Definicje, twierdzenia, wzory", Oficyna Wydawnicza GiS, Wrocław 2005
2. T. Jurlewicz, Z. Skoczylas, "Algebra liniowa 1. Przykłady i zadania", Oficyna Wydawnicza GiS, Wrocław 2005
3. Julian J. Faraway, "Practical Regression and Anova using R", 2022
(<https://cran.r-project.org/doc/contrib/Faraway-PRA.pdf>)
4. J. Jakubowski, R. Sztencel, "Wstęp do teorii prawdopodobieństwa", Script 2010
5. A. Iwanik, J.K. Misiewicz "Wykłady z procesów stochastycznych z zadaniami. Część pierwsza: Procesy Markowa", Script 2015
6. Giorgio Alfredo Spedicato, Tae Seung Kang, Sai Bhargav Yalamanchi, Deepak Yadav, Ignacio Cordón, "The markovchain Package: A Package for Easily Handling Discrete Markov Chains in R"
(https://cran.r-project.org/web/packages/markovchain/vignettes/an_introduction_to_markovchain_package.pdf)

Dodatkowa

1. S.M. Ross, "Introduction to Probability Models", Hartcourt Academic Press San Diego 2000
2. R. Rudnicki "Modele i metody biologii matematycznej. Część II: Modele probabilistyczne", Instytut Matematyczny Polskiej Akademii Nauk, 2022
3. G. A. Spedicato "Discrete Time Markov Chains with R", The R Journal (2017) 9:2, pp 84-104
(<https://journal.r-project.org/archive/2017/RJ-2017-036/index.html>)
4. dokumentacja wybranych funkcji i pakietów języka R

Kierunkowe efekty uczenia się

Kod	Treść
BI_P7S_UW07	Absolwent potrafi stosować modele statystyczne do modelowania genetycznych podstaw dziedziczenia cech fenotypowych
BI_P7S_UW08	Absolwent potrafi stosować na poziomie zaawansowanym pakiety statystyczne, posiada umiejętność wyboru, instalacji i zastosowania programów dostępnych w dystrybucji typu „open source” do pracy z dużymi zbiorami danych biologicznych i hodowlanych
BI_P7S_UW09	Absolwent potrafi wykorzystywać najnowsze technologie informatyczne oraz rozwiązania modelowania matematycznego do analizy i przetwarzania danych biologicznych
BI_P7S_WG01	Absolwent zna i rozumie w stopniu pogłębionym zagadnienia dotyczące badań biologicznych i metod analizy danych biologicznych
BI_P7S_WG03	Absolwent zna i rozumie w stopniu pogłębionym zagadnienia z zakresu metod „data mining” oraz algorytmy komputerowej analizy danych wielkoskalowych
BI_P7S_WG04	Absolwent zna i rozumie w stopniu pogłębionym zagadnienia z zakresu wnioskowania statystycznego wykorzystywane do analiz bazujących na różnych rodzajach informacji hodowlanych.
BI_P7S_WK06	Absolwent zna i rozumie w stopniu pogłębionym zagadnienia z zakresu stosowania wybranych pakietów statystycznych
BI_P7S_WK07	Absolwent zna i rozumie w stopniu pogłębionym zagadnienia z zakresu programowania w aspekcie analizy danych biologicznych