



Algorytmy obliczeniowe

Karta opisu przedmiotu

Informacje podstawowe

Kierunek studiów bioinformatyka	Cykl kształcenia 2020/21
Specjalność -	Kod przedmiotu WBiHZBBIS.L10B.0024.20
Jednostka organizacyjna Wydział Biologii i Hodowli Zwierząt	Języki wykładowe Polski
Poziom studiów studia pierwszego stopnia (licencjat)	Obligatoryjność Obowiązkowy
Forma studiów stacjonarne	Blok zajęciowy Przedmioty kierunkowe
Profil studiów ogólnoakademicki	Dyscypliny Matematyka
	Przedmiot powiązany z badaniami naukowymi Nie
	Przedmiot kształtujący umiejętności praktyczne Nie
Nauczyciel akademicki odpowiedzialny za przedmiot	Wiesław Szulczewski
Pozostali prowadzący	Wiesław Szulczewski, Jan Jełowicki

Okres Semestr 5	Forma zaliczenia Egzamin	Liczba punktów ECTS 5.0
	Forma prowadzenia i godziny zajęć Wykład: 30 Ćwiczenia laboratoryjne: 30	

Cele kształcenia dla przedmiotu

C1	. Po ukończeniu kursu student zna podstawowe rodzaje algorytmów i wie gdzie oraz jak je stosować.
C2	Umie wykorzystywać dostępne w bibliotekach podprogramy obliczeniowe.

Efekty uczenia się dla przedmiotu

Kod	Efekty uczenia się w zakresie	Kierunkowe efekty uczenia się	Metody weryfikacji
Wiedzy - Student zna i rozumie:			
W1	podstawowe rodzaje algorytmów i wie gdzie oraz jak je stosować	BI_P6S_WG08	Obserwacja pracy studenta, Wykonanie ćwiczeń
Umiejętności - Student potrafi:			
U1	zanalizować algorytm, zaimplementować i wykorzystać go we własnym projekcie.	BI_P6S_UW01	Obserwacja pracy studenta, Wykonanie ćwiczeń
Kompetencji społecznych - Student jest gotów do:			
K1	unowocześniania metod obliczeniowych stosowanych w naukach biologicznych	BI_P6S_KK01	Obserwacja pracy studenta, Wykonanie ćwiczeń

Bilans punktów ECTS

Forma aktywności studenta	Średnia liczba godzin* przeznaczonych na zrealizowane aktywności	
Wykład	30	
Ćwiczenia laboratoryjne	30	
Przygotowanie do zajęć	65	
Konsultacje	10	
Łączny nakład pracy studenta	Liczba godzin 135	ECTS 5.0
Zajęcia z bezpośrednim udziałem nauczyciela	Liczba godzin 70	ECTS 2.6
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.	<ol style="list-style-type: none"> 1. Złożoność obliczeniowa, łatwa i trudna rozwiązywalność. 2. Elementy metod numerycznych: równania typu $f(x)=0$. 3. Elementy metod numerycznych: algebra macierzy. 4. Elementy metod numerycznych: aproksymacja. 5. Poszukiwanie minimum funkcji liczbowej wielu zmiennych: metody probabilistyczne. 6. Poszukiwanie minimum funkcji liczbowej wielu zmiennych: metody gradientowe. 7. Poszukiwanie minimum funkcji liczbowej wielu zmiennych: metody genetyczne. 8. Elementy programowania dynamicznego: dopasowanie wspólnych podciągów. 9. Elementy programowania dynamicznego: wyznaczanie najkrótszej drogi na grafach. 10. Elementy programowania dynamicznego: metody analizy skupień - drzewa filogenetyczne. 11. Wybrane modele dynamiki procesów w biologii: automaty komórkowe. 12. Wybrane modele dynamiki procesów w biologii: układy dynamiczne. 13. Wybrane modele dynamiki procesów w biologii: metody przybliżonego rozwiązywania równań różniczkowych. 14. Wybrane modele dynamiki procesów w biologii: metody przybliżonego rozwiązywania równań różniczkowych. 15. Wybrane modele dynamiki procesów w biologii: metody przybliżonego rozwiązywania równań różniczkowych. 	Wykład
----	---	--------

2.	<ol style="list-style-type: none"> 1. Metoda bisekcji - powtórzenie elementów programowania. 2. Metoda Newtona. 3. Metoda Newtona. 4. Operacje na macierzach. 5. Zagadnienia aproksymacyjne i interpolacyjne. 6. Zagadnienia aproksymacyjne i interpolacyjne. 7. Algorytmy Monte Carlo. 8. Najkrótsza droga w grafie. 9. Algorytm Dijkstry. 10. Metody genetyczne. 11. Najdłuższa wspólna sekwencja. 12. Metody analizy skupień. 13. Metody analizy skupień. 14. Drzewa filogenetyczne. 	Ćwiczenia laboratoryjne
----	---	-------------------------

Informacje rozszerzone

Metody nauczania:

analiza przypadków, Praca w grupie, Pracownia komputerowa, Wykład, Ćwiczenia

Aktywności	Metody zaliczenia	Udział procentowy w ocenie łącznej przedmiotu
Wykład	Wykonanie ćwiczeń	25%
Ćwiczenia laboratoryjne	Obserwacja pracy studenta, Wykonanie ćwiczeń	75%

Wymagania wstępne

matematyka, programy komputerowe, bazy danych, wstęp do bioinformatyki

Literatura

Obowiązkowa

1. Higgs P. G., Attwood T. K. (2011). Bioinformatyka i ewolucja molekularna. PWN;

Dodatkowa

1. Murray J. D. (2006). Wprowadzenie do biomatematyki. PWN;
2. Wirth N. (2001). Algorytmy + struktury danych = programy. WNT;
3. Wróblewski P. (2010). Algorytmy, struktury danych i techniki programowania. Helion

Kierunkowe efekty uczenia się

Kod	Treść
BI_P6S_KK01	Absolwent jest gotów do krytycznej oceny posiadanej wiedzy i jej aktualizacji
BI_P6S_UW01	Absolwent potrafi stosować zaawansowane techniki informatyki: pracować w środowiskach różnych systemów operacyjnych, stosować różne programy użytkowe, tworzyć proste programy komputerowe oraz projektować bazy danych biologicznych i zootechnicznych
BI_P6S_WG08	Absolwent zna i rozumie w stopniu zaawansowanym zagadnienia z zakresu kategorii pojęciowych i terminologii informatycznej, biologicznej, matematycznej, fizycznej, chemicznej, informatycznej i rolniczej oraz podstawowe procesy zachodzące w cyklu życia urządzeń