

Karta przedmiotu

Nazwa i kod przedmiotu	Podstawy procesów stochastycznych dla bioinformatyków, PG_00156255						
Kierunek studiów	Bioinformatyka (O)						
Data rozpoczęcia studiów	październik 2024 r.		Rok akademicki realizacji przedmiotu		2025/2026		
Poziom kształcenia	I stopnia - licencjackie		Grupa zajęć		Grupa zajęć obowiązkowych z zakresu kierunku studiów		
Forma studiów	stacjonarne		Sposób realizacji		na uczelni		
Rok studiów	2		Język wykładowy		polski Polski		
Semestr studiów	4		Liczba punktów ECTS		2.0		
Profil kształcenia	ogólnoakademicki		Forma zaliczenia		zaliczenie		
Jednostka prowadząca	Rektor -> Wydział Matematyki, Fizyki i Informatyki -> Instytut Fizyki Teoretycznej i Astrofizyki						
Imię i nazwisko wykładowcy (wykładowców)	Odpowiedzialny za przedmiot		dr Anita Dąbrowska				
	Prowadzący zajęcia z przedmiotu						
Formy zajęć	Forma zajęć	Wykład	Ćwiczenia	Laboratorium	Projekt	Seminarium	RAZEM
	Liczba godzin zajęć	15.0	0.0	15.0	0.0	0.0	30
	W tym liczba godzin zajęć na odległość: 0.0						
Aktywność studenta i liczba godzin pracy	Aktywność studenta	Udział w zajęciach dydaktycznych, objętych planem studiów		Udział w konsultacjach		Praca własna studenta	RAZEM
	Liczba godzin pracy studenta	30		0.0		20.0	50
Cel przedmiotu	Celem zajęć jest zapoznanie studentów z podstawami dyskretnych procesów stochastycznych i ich zastosowaniami w biologii.						

Efekty uczenia się przedmiotu	Efekt kierunkowy	Efekt z przedmiotu	Sposób weryfikacji i oceny efektu
	[BIOINL3_W03] Ma wiedzę z zakresu metod matematycznych i statystycznych pozwalającą na opis i modelowanie procesów i zjawisk biologicznych	Student zna i rozumie: pojęcie procesu stochastycznego, pojęcie dyskretnego łańcucha Markowa i przykłady jego zastosowania w biologii, pojęcia i twierdzenia dotyczące klasyfikacji stanów dyskretnych łańcuchów Markowa, pojęcia rozkładu początkowego, przejściowego, stacjonarnego i granicznego, oraz twierdzenia z nimi związane, pojęcie spaceru losowego i metody badania jego własności, podstawy metody Monte Carlo.	[SW4] test/egzamin - ustny lub pisemny
	[BIOINL3_U03] Stosuje podstawowe metody matematyczne i statystyczne do opisu zjawisk i analizy danych; posiada umiejętność podstawowej analizy danych w profesjonalnych bazach danych wykorzystywanych w bioinformatyce	Student potrafi: dokonać klasyfikacji stanów, a na tej podstawie łańcuchów Markowa, wyznaczać rozkłady przejściowe, stacjonarne i graniczne dla łańcuchów Markowa, wyznaczyć średni czas przebywania układu w danym stanie oraz średni czas dotarcia po raz pierwszy do danego stanu, wyznaczać macierz absorpcji i średni czas do absorpcji, zbadać podstawowe własności spaceru losowego, badać z użyciem metody Monte Carlo łańcuchy Markowa	[SU3] opracowanie tekstowe/ praca pisemna [SU4] test/egzamin - ustny lub pisemny
Treści przedmiotu	1. Pojęcie procesu stochastycznego 2. Dyskretny łańcuchy Markowa - Konstrukcja dyskretnych łańcuchów Markowa - Macierz przejścia - Równanie Chapmana-Kolmogorowa - Klasyfikacja stanów - Periodyczność - Stany przejściowe i powracające - Spacer losowy w jednym i więcej wymiarach. Bariery pochłaniające i odpychające - Prawdopodobieństwo absorpcji i czas oczekiwany do absorpcji - Rozkłady stacjonarne - Rozkłady graniczne 3. Przykłady dyskretnych łańcuchów Markowa w biologii - Modele genetyczne - Dyskretny model narodzin i śmierci 4. Metody Monte Carlo		
Wymagania wstępne i dodatkowe	Znajomość algebry liniowej, analizy matematycznej oraz podstaw rachunku prawdopodobieństwa.		
Sposoby i kryteria oceniania osiąganych efektów uczenia się	Sposób oceniania (składowe)	Próg zaliczeniowy	Składowa oceny końcowej
	4 krótkie sprawdziany (procent liczony łącznie)	51.0%	30.0%
	Test z wykładu	51.0%	50.0%
	Kolokwium końcowe	51.0%	20.0%
Zalecana lista lektur	Podstawowa lista lektur	A. Plucińska, E. Pluciński, Rachunek prawdopodobieństwa. Statystyka matematyczna. Procesy stochastyczne, Wydawnictwo Naukowe PWN, WNT Warszawa 2020 W. J Stewart, Probability, Markov Chains, Queues, and Simulation, Princeton University Press, Princeton 2009 L. Allen, An Introduction to Stochastic Process with Applications to Biology, Chapman and Hall/CRC 2010	
	Uzupełniająca lista lektur	D. J. Wilkinson, Stochastic Modelling for Systems Biology, Chapman and Hall/CRC 2018	
	Adresy eZasobów	Adresy na platformie eNauczanie:	
Przykładowe zagadnienia/ przykładowe pytania/ realizowane zadania	Brak		
Praktyki zawodowe w ramach przedmiotu	Nie dotyczy		

Dokument wygenerowany elektronicznie. Nie wymaga pieczęci ani podpisu.