

--	--	--

1. Nazwa przedmiotu: OBLICZENIA RÓWNOLEGŁE W BIOTECHNOLOGII (P.O.)		2. Kod przedmiotu:		
3. Karta przedmiotu ważna od roku akademickiego: 2012				
4. Forma kształcenia: studia drugiego stopnia				
5. Forma studiów: studia stacjonarne				
6. Kierunek studiów: AUTOMATYKA I ROBOTYKA; WYDZIAŁ AEII				
7. Profil studiów: ogólnoakademicki				
8. Specjalność: BIOINFORMATYKA				
9. Semestr: 2				
10. Jednostka prowadząca przedmiot: Instytut Automatyki, RAuI				
11. Prowadzący przedmiot: dr inż. D. Borys				
12. Przynależność do grupy przedmiotów: przedmioty obieralne				
13. Status przedmiotu: obieralny				
14. Język prowadzenia zajęć: polski				
15. Przedmioty wprowadzające oraz wymagania wstępne: Zakłada się, że przed rozpoczęciem nauki niniejszego przedmiotu student posiada przygotowanie w zakresie programowania zdobyte na przedmiotach Informatyka oraz Bioinformatyka				
16. Cel przedmiotu: Celem przedmiotu jest zapoznanie słuchaczy z zagadnieniami projektowania algorytmów równoległych z wykorzystaniem ogólnodostępnych systemów programowania równoległego. Słuchacz po kursie będzie wiedział jak zbudować własny klaster obliczeniowy typu "Beowulf" oraz jak dobrać oprogramowanie w celu realizacji dużych obliczeń komputerowych. Podczas zajęć studenci poznają najważniejsze paradygmaty programowania równoległego a także nauczą się wykorzystywać dostępne zasoby współczesnych procesorów wielordzeniowych.				
17. Efekty kształcenia:				
Nr	Opis efektu kształcenia	Metoda sprawdzenia efektu kształcenia	Forma prowadzenia zajęć	Odniesienie do efektów dla kierunku studiów
W1	wie jak budować aplikacje wykorzystujące dynamiczny przydział zasobów	CL, PS	WM, WT, L	K_W01, K_W04, K_W17, K_W18 K_W19
W2	wie jak synchronizować procesy w aplikacjach wielowątkowych w celu poprawnej realizacji zadania	CL, PS	WM, WT, L	K_W01, K_W04, K_W11
W3	ma podstawową wiedzę o cyklu życia urządzeń			K_W12
U1	potrafi stworzyć porogram w środowisku Matlab z wykorzystaniem idei programowania z przesyłem komunikatów przy użyciu dodatku MatlabMPI	CL, PS	WT, WM, L	K_U07, K_U13

U2	potrafi stworzyć program wielowątkowy wykorzystujące lokalną architekturę równoległą (procesory wielordzeniowe) na przykładzie programowania na platformie Microsoft.NET (język C#, system operacyjny Windows)	CL, PS	L	K_U07, K_U13
U3	Potrafi stworzyć program z wykorzystaniem idei programowania z przesyłem komunikatów w jednym z wybranych środowisk : PVM (Parallel Virtual Machines) lub MPI (Message Passing Interface) - programowanie w języku C, system operacyjny Linux	CL, PS	WT, WM, L	K_U07, K_U13
U4	Potrafi wykorzystać system kolejkowania zadań do obliczeń równoległych w systemach wieloużytkownikowych (na przykładzie TORQUE PBS)	CL, PS	WM, WT, L	K_U07
U5	Potrafi stworzyć proste programy w języku PERL do zastosowań w biotechnologii	CL	WM, L	K_U13, K_U10, K_U19
K1	Potrafi wykorzystać dostępne zasoby (obliczeniowe) w celu jak najszybszej realizacji zadania	CL, PS	L	K_K03
18. Formy zajęć dydaktycznych i ich wymiar (liczba godzin) W. : 30 Ćw. : - L.: 15				
19. Treści kształcenia: Treść wykładów Przegląd architektur komputerów do obliczeń równoległych, omówienie budowy, własności. Prawo Amdahla. Klasyfikacja Flynna. Najszybsze systemy obliczeniowe w skali świata i kraju. Modele programowania równoległego. Projektowanie programów równoległych. Równy podział pracy oraz dynamiczny przydział zasobów. Synchronizacja procesów. Podstawy systemu Linux. Budowa klastra obliczeniowego. Wykorzystanie pakietu MatlabMPI jako przykładu systemu opartego na przesyśle komunikatów. System PVM. Systemy zarządzania klastrem. Systemy kolejkowe. Obliczenia rozproszone. Język PERL. Przykłady algorytmów oraz ich wersje zrównoleglone, zastosowania w biotechnologii. Treść laboratoriów: Podstawy systemu Linux Programowanie równoległe w środowisku Matlab przy użyciu dodatku MatlabMPI. Programowanie wielowątkowe (platforma Microsoft .NET, C#). Programowanie równoległe przy użyciu bibliotek PVM (Parallel Virtual Machine) i MPI (Message Passing Interface). Dynamiczny przydział zasobów. Wykorzystanie systemu kolejkowego do obliczeń równoległych. (TORQUE PBS) Język PERL. Zastosowanie w biotechnologii.				
20. Egzamin: nie.				

21. Literatura podstawowa: 1. dokumentacja MatlabMPI 2. dokumentacja PVM 3. dokumentacja MPI 4. dokumentacja TORQUE PBS 5. dokumentacja MSDN
22. Literatura uzupełniająca: 1. Zomaya A. (ed.) "Parallel computing for bioinformatics and computational biology", Wiley-Interscience, 2006

23. Nakład pracy studenta potrzebny do osiągnięcia efektów kształcenia		
Lp.	Forma zajęć	Liczba godzin kontaktowych / pracy studenta
1	Wykład	30/30
2	Ćwiczenia	0/0
3	Laboratorium	15/15
4	Projekt	0/0
5	Seminarium	0/0
6	Inne	30/30 (10/10)
	Suma godzin	75/75 (70/70)
24. Suma wszystkich godzin 150 (140)		
25. Liczba punktów ECTS: 5		
26. Liczba punktów ECTS uzyskanych na zajęciach z bezpośrednim udziałem nauczyciela akademickiego: 3		
27. Liczba punktów ECTS uzyskanych na zajęciach o charakterze praktycznym (laboratoria, projekty): 1 (3)		
26. Uwagi:		

Zatwierdzono:

.....
(data i podpis prowadzącego)

.....
(data i podpis dyrektora instytutu/kierownika katedry/
Dyrektora Kolegium Języków Obcych/kierownika lub
dyrektora jednostki międzywydziałowej)