

# ZAGADNIENIA NA EGZAMIN LICENCJACKI

## KIERUNEK BIOINFORMATYKA

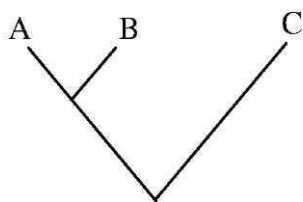
rok akademicki 2021/22

### I. BLOK BIOLOGICZNY

1. Ile i jakie cechy określonego gatunku wybrał do swych badań Grzegorz Mendel? Dlaczego na podstawie wybranych przez Mendla cech udało się badaczowi sformułować prawa, które stworzyły podwaliny pod genetykę?
2. Co to znaczy, iż cechy dziedziczą się zgodnie z prawami Mendla? Ile praw wyprowadził ze swych badań Grzegorz Mendel? Co oznacza termin: dziedziczenie niezależne? Odpowiedzi uzasadnić na rysunku.
3. Jaka jest różnica między cechami sprzężonymi, a cechami sprzężonymi z płcią?
4. Czy cechy sprzężone mogą dziedziczyć się zgodnie z prawami Mendla, dając stosunki liczbowe charakterystyczne dla dziedziczenia niezależnego?
5. Wyjaśnić pojęcie odziedziczalności. Jakich cech dotyczy? Przedstawić i omówić ogólny wzór dla oszacowania wartości wskaźnika odziedziczalności. Co to znaczy, że wartość  $h^2$  pewnej cechy oszacowano na 20% ogólnej zmienności fenotypowej?
6. Co oznacza u ssaków określenie - dziedziczenie mateczne? Dzięki czemu geny mtDNA są ważne? Scharakteryzować genom mitochondrialny.
7. Które ze składowych genu oddziałują silniej na produkt genowy - introny czy eksony? Które z sekwencji są bardziej zmienne i dlaczego?
8. Jaki odsetek całości genomu stanowią geny jądrowe Homo sapiens? Czy ludzie różnią się między sobą odpowiadającymi sobie genami, bądź liczbą genów? Czy można nie mieć jakiegoś genu i być zdrowym? Odpowiedź uzasadnić na przykładzie.
9. Ile genów posiada człowiek? Ile białek produkują komórki człowieka? Wymienić wszystkie części składowe genu eukariotycznego.
10. Scharakteryzować zjawisko alternatywnego splicingu jako formy tworzenia odmiennych swoiście zakodowanych zbiorów unikalnych sekwencji aminokwasowych na przykładzie wybranego genu i białka.
11. Co oznacza termin ekspresja genu? Jakie zjawiska regulują i wyłączają ekspresję genową?
12. Jaki związek z ekspresją genu mają zjawiska epigenetyczne? Czy mogą one zmieniać informację genetyczną? Omówić te zjawiska na przykładach.

13. Która z sekwencji - nukleotydowa czy aminokwasowa, zawierają więcej informacji genetycznej? Odpowiedź uzasadnić.
14. Omówić różnice między cechami prostymi jakościowymi, a wieloczynnikowymi. Jaki rozkład zmienności charakteryzuje populację w przypadku badania cech o uwarunkowaniu wieloczynnikowym, a jaki w odniesieniu do cech jakościowych dziedziczących się w sposób prosty?
15. Jak nazywane są geny o dużym wpływie na cechy ilościowe lub ryzyko wystąpienia choroby? Wymienić kilka takich genów i podać przykłady wykorzystania wiedzy o tych genach w praktyce medycznej, biotechnologii, selekcji.
16. Opisać krótko kolejne etapy w procedurze klonowania terapeutycznego i reprodukcyjnego.
17. Możliwości i cele terapii genowej. Jakie postępowanie można by nazwać prawdziwą terapią genową?
18. Opisać procedurę klonowania terapeutycznego.
19. Opisać przypadek sklonowania owcy Dolly i sposoby weryfikacji jej genomu, która dowiodła udanego klonowania organizmu ze zróżnicowanej komórki somatycznej.
20. Czym są embrionalne komórki macierzyste i jak można je przeprogramować dla potrzeb terapeutycznych?
21. Podać różnice w budowie między genem pro- i eukariotycznym.
22. Jakie elementy genetyczne dotyczące dziedziczenia matecznego i ojcowskiego były dotychczas wykorzystywane w badaniach ewolucyjnych ludzi i zwierząt?
23. Scharakteryzować budowę receptorów błonowych oraz ich rolę biologiczną.
24. Opisać działanie i sens biologiczny sprzężenia chemiosmotycznego.
25. Omówić budowę i funkcję lizosomów.
26. Scharakteryzować budowę i rolę biologiczną receptorów cytoplazmatycznych.
27. Z czym są związane i do czego służą osłonki mielinowe?
28. Omówić rolę, ogólną budowę oraz najważniejsze funkcje jądra komórkowego.
29. Opisać budowę, działanie i rodzaje synaps neurologicznych.
30. Scharakteryzować budowę, właściwości i funkcje błon biologicznych komórek zwierzęcych.
31. Opisać sygnalizację w komórkach nerwowych.
32. Zdefiniować pojęcie endosymbiozy i podać przykłady.
33. Omówić funkcję jąderka w komórce.
34. Scharakteryzować rodzaje endocytozy.

35. Wymienić zjawiska wpływające na wielkość i strukturę genomów.
36. Rodzaje egzocytozy.
37. Wymienić i omówić znane rodzaje komórek fagocytyujących oraz broń, jaką się posługują.
38. Rola, budowa i funkcje peroksysomów.
39. Omówić szczegółowo prawo Hardyego-Weinberga.
40. Omówić pojęcie frekwencji allelu i genotypu oraz sposoby ich szacowania.
41. Jak można wyróżnić rodzaje kojarzeń nielosowych? Omówić ich konsekwencje w odniesieniu do struktury populacji.
42. Omówić wpływ mutacji, migracji oraz selekcji na strukturę genetyczną populacji.
43. Jakie czynniki mogą determinować tempo zmian zachodzących w populacji w wyniku działania czynników określonych w prawie Hardyego-Weinberga?
44. Określić założenia populacji idealizowanej.
45. Od jakich czynników zależy efektywna wielkość populacji?
46. Omówić pojęcie współczynnika inbredu i współczynnika pokrewieństwa.
47. Porównać cechę ilościową i jakościową z punktu widzenia genetyki populacji.
48. Omówić współczynnik odziedziczalności.
49. Co to są mikromacierze lub chipy DNA i do czego służą?
50. Jakimi metodami można porównać ze sobą sekwencje?
51. W jaki sposób wylicza się punktację (score) przyrównania sekwencji?
52. Co to jest identyczność i podobieństwo sekwencji?
53. Wyjaśnić terminy: ortologi, paralogi i ksenologi.
54. Dlaczego zaobserwowana liczba miejsc różniących dwie sekwencje nie odzwierciedla rzeczywistej liczby podstawień (mutacji), które zaszły od czasu dywergencji tych sekwencji?
55. Poniższe drzewo przedstawia zależności filogenetyczne między sekwencjami o tej samej długości. Jeżeli wiadomo, że taksony A i C rozdzieliły się 12 mln lat temu i różnica (w nukleotydach) między sekwencjami A i C = 15, a między A i B = 5 oblicz czas rozdzielenia się taksonów A i B.



56. Wymienić zjawiska wpływające na wielkość i strukturę genomów.
57. Wymienić rodzaje polimeraz RNA oraz geny, które transkrybują.
58. Wymienić sekwencje charakterystyczne dla promotora oraz czynniki transkrypcyjne, które się do nich przyłączają.
59. Wymienić przykładowe mutacje czynników transkrypcyjnych w chorobach człowieka.
60. Opisać choroby związane z uszkodzeniem 3'UTR.
61. Opisać choroby, w których występują mutacje dynamiczne.
62. Wymienić i opisać techniki detekcji białek z użyciem przeciwciał.
63. Scharakteryzować chromatografię cieczową połączoną ze spektrometrią mas.
64. Wymienić cele poradnictwa genetycznego.
65. Wymienić techniki badawcze stosowane obecnie w diagnostyce prenatalnej chorób genetycznych.
66. Wyjaśnić termin kraniosynostenoza. Wymienić i opisać choroby, w których występują mutacje w genie FGFR2.
67. Wymienić i opisać techniki hybrydyzacyjne analizy kwasów nukleinowych.
68. Opisać przyczyny niedosłuchu u dzieci.
69. Na czym polega sekwencjonowanie nowej generacji oraz jakie są jego zastosowania we współczesnej nauce?
70. Podać i scharakteryzować mechanizmy epigenetyczne.
71. Jaka jest rola niekodujących RNA w procesach regulacyjnych komórki?
72. Opisać dwie metody tworzenia drzew filogenetycznych.
73. Wymienić i scharakteryzować bazy danych sekwencji nukleotydowych i białkowych.
74. Czym jest E-value w wynikach przeszukiwania sekwencji przy pomocy BLAST?
75. Poniżej przedstawiono wynik przeszukiwania sekwencji fragmentu genu BRCA1 przy pomocy BLAST (megablast). Zinterpretować otrzymane wyniki.

	Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per. Ident	Acc. Len	Accession
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Eukaryotic synthetic construct chromosome 17</a>	<a href="#">eukaryotic synt...</a>	1423	1.932e+05	100%	0.0	100.00%	88299790	<a href="#">CP034495.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Homo sapiens BRCA1 promoter region (LOC111589215) on chromosome 17</a>	<a href="#">Homo sapiens</a>	1423	1423	100%	0.0	100.00%	2868	<a href="#">NG_056086.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Homo sapiens DNA, chromosome 17, nearly complete genome</a>	<a href="#">Homo sapiens</a>	1423	2.675e+05	100%	0.0	100.00%	80688777	<a href="#">AP023477.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Homo sapiens BRCA1 DNA repair associated (BRCA1), RefSeqGene (LRG_292) on chromosome 17</a>	<a href="#">Homo sapiens</a>	1423	11077	100%	0.0	100.00%	193689	<a href="#">NG_005905.2</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Homo sapiens neighbor of BRCA1 gene 1 (NBR1) gene, partial cds; neighbor of BRCA1 gene 2 (N...</a>	<a href="#">Homo sapiens</a>	1423	9502	100%	0.0	100.00%	150505	<a href="#">DQ478408.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Homo sapiens clone mck41_A neighbor of BRCA1 gene 1 (NBR1) gene, partial cds; hypothetical p...</a>	<a href="#">Homo sapiens</a>	1423	9294	100%	0.0	100.00%	147576	<a href="#">DQ190457.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Homo sapiens clone mck578_U neighbor of BRCA1 gene 1 (NBR1) gene, partial cds; and hypothet...</a>	<a href="#">Homo sapiens</a>	1423	9508	100%	0.0	100.00%	150669	<a href="#">DQ190456.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Homo sapiens clone mck554_A neighbor of BRCA1 gene 1 (NBR1) gene, partial cds; and hypothet...</a>	<a href="#">Homo sapiens</a>	1423	9716	100%	0.0	100.00%	155470	<a href="#">DQ190455.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Homo sapiens clone mck43_A neighbor of BRCA1 gene 1 (NBR1) gene, partial cds; and hypotheti...</a>	<a href="#">Homo sapiens</a>	1423	9290	100%	0.0	100.00%	150582	<a href="#">DQ190454.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Homo sapiens clone mck55_A neighbor of BRCA1 gene 1 (NBR1) gene, partial cds; and hypotheti...</a>	<a href="#">Homo sapiens</a>	1423	9721	100%	0.0	100.00%	156879	<a href="#">DQ190453.1</a>

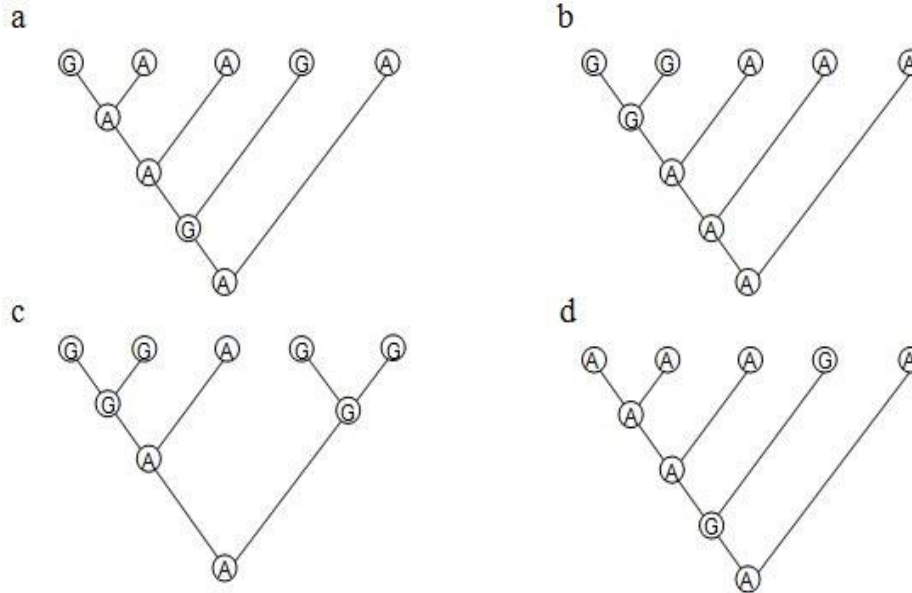
76. Omówić współczesną, dowolnie wybraną publikację naukową ilustrującą zastosowanie najnowszych technik biologii molekularnej w diagnostyce medycznej.

## II. BLOK INFORMATYCZNY

1. Co to są proste typy danych? Wymienić i scharakteryzować najważniejsze typy proste używane w opisach algorytmów.
2. Scharakteryzować sposoby wewnętrznego reprezentowania wartości w znanych typach danych liczbowych. Jaki jest ich wpływ na wyniki operacji arytmetycznych?
3. Co to są struktury danych? Czym się różnią typy strukturalne od prostych typów danych? Wskazać przykłady.
4. Omówić różnice między typami liczbowymi stałopozycyjnymi i zmiennopozycyjnymi.
5. Wymienić rodzaje grafów oraz struktury danych wykorzystywane w algorytmach grafowych.
6. Co to są grafy skierowane (*digraph*)? Wskazać przykład ich praktycznego zastosowania.
7. Objąć strukturę danych zwaną drzewem (*tree*). Wskazać przykład jej praktycznego zastosowania.
8. Wyjaśnić pojęcie formatu danych. Jakie są przesłanki rozpoznawania formatu zapisu użytego w pliku danych?
9. Wymienić formaty danych używane do reprezentowania sekwencji w bioinformatycznych bazach danych. Omówić wybrane z tych formatów.
10. Co znaczy termin „otwarty standard zapisu informacji”? Wymienić kilka znanych otwartych standardów. Wskazać korzyści i problemy związane z użytkowaniem otwartych standardów w praktyce.
11. Przedstawić zasady organizacji przechowywania danych w relacyjnej bazie danych.
12. Omówić przebieg procesu normalizacji bazy danych. Co oznaczają pojęcia: pierwsza, druga, trzecia postać normalna?
13. Przedstawić przeznaczenie i zakres zastosowań języka zapytań SQL. Podać przykłady.
14. Jaki jest cel indeksowania w bazach danych oraz metody realizacji tej czynności?
15. Omówić różnice i podobieństwa pomiędzy kwerendą a perspektywą (widokiem) w relacyjnej bazie danych.
16. Wyjaśnić SQL-ową operację łączenia tabel (*join*). Podać przykład.
17. Co to są obiektowe bazy danych? Wskazać różnice w sposobie korzystania z baz relacyjnych i obiektowych.
18. Scharakteryzować powszechnie stosowane sposoby zapisu algorytmów.

19. Co to jest właściwość stopu algorytmu? Wyjaśnić na przykładzie.
20. Co to jest złożoność obliczeniowa? Jak się ją wyraża? Wskazać algorytmy rozwiązania wybranego przez siebie zagadnienia, różniące się złożonością obliczeniową.
21. Scharakteryzować krótko klasę algorytmów typu „dziel i rządź”. Wskazać przykłady zastosowań.
22. Scharakteryzować krótko klasę algorytmów rekurencyjnych. Wskazać przykłady zastosowań. Kiedy rekurencja jest narzędziem przydatnym, a kiedy nie?
23. Scharakteryzować krótko klasę algorytmów typu iteracyjnego. Wskazać przykłady zastosowań.
24. Scharakteryzować krótko klasę algorytmów typu dynamicznego. Wskazać przykłady zastosowań.
25. Scharakteryzować krótko klasę algorytmów typu „kolejnych przybliżeń”. Wskazać przykłady zastosowań.
26. Omówić pojęcie algorytmu i najważniejsze właściwości algorytmów.
27. Co to jest poprawność całkowita i częściowa algorytmu? Wskazać przykłady.
28. Omówić struktury danych przydatne do reprezentacji grafów.
29. Co to jest niezmiennik procesu iteracyjnego? Wskazać niezmiennik w wybranym przez siebie przykładzie pętli iteracyjnej.
30. W jaki sposób wykorzystane są macierze punktacji podczas wyznaczenia dopasowania dwóch sekwencji nukleotydów? Wskazać znane rodzaje macierzy punktacji.
31. Wymienić najważniejsze metody rozwiązywania układów równań liniowych. Kiedy którą z nich stosować w praktyce?
32. Omówić dwie różne znane metody grupowania obiektów w skupienia.
33. Porównać efektywność co najmniej dwóch różnych algorytmów wyszukiwania elementu w tablicy.
34. Omówić metody przeszukiwania grafu wszerz i w głąb. Czym się różnią, do jakich zagadnień je stosować?
35. Omówić metody uporządkowanego przejścia przez wszystkie węzły drzewa.
36. Co to jest wskaźnik uwarunkowania zadania numerycznego? Jak można zdefiniować wskaźnik uwarunkowania układu równań liniowych?
37. Wyjaśnić zasadę metody Monte Carlo i wskazać jej możliwe zastosowania.
38. Omówić model zagadnienia drapieżnik–ofiara: ideę, metody i podstawowe przykłady zastosowań.

39. Wyjaśnić zasadę parsymonii. Które spośród drzew przedstawionych na rysunku jest preferowane przez zasadę parsymonii?



40. Jakie problemy mogą wystąpić podczas analizy bardzo dużych zbiorów danych? Jakie są ich przyczyny? Jak sobie z nimi radzić?
41. Scharakteryzować związki i różnice między algorytmem a programem.
42. Co to są „składnia” i „semantyka” języka programowania? Wskazać przykład problemów albo wątpliwości dających się rozwiązać za pomocą analizy składni i poprzez odwołanie do semantyki.
43. Wyjaśnić pojęcia „literał”, „słowo kluczowe” i „identyfikator” (albo „nazwa”) i funkcje, jakie pełnią w języku programowania. Można posłużyć się przykładami ze znanego języka.
44. Omówić podstawowe rodzaje instrukcji sterujących przepływem programu (instrukcje warunkowe, instrukcje iteracji) stosowanych w językach wysokiego poziomu.
45. Omówić różnice między programami interpretowanymi i kompilowanymi.
46. Co to są i do czego służą podprogramy, jakie są metody przekazywania do nich danych?
47. Podać znane sposoby przekazywania danych wynikowych generowanych przez podprogram do wywołującego go programu?
48. Co to jest efekt uboczny podprogramu? Jak można go wykorzystywać w praktyce?
49. Wymienić najważniejsze rodzaje błędów pojawiających się w podczas tworzenia i użytkowania programów; wskaż sposoby ich eliminowania.

50. Wyjaśnić pojęcie zmiennej globalnej. Wskaż możliwe negatywne konsekwencje używania zmiennych globalnych w programach; jak im zapobiegać?
51. Wyjaśnić rolę testowania części składowych programu. Czy program, który przeszedł pozytywnie testy, może być uważany za poprawny?
52. Omówić metody wspomagające uzyskanie zgodności działania programu z zamiarami jego twórców.
53. Co oznaczają terminy „sterowanie interaktywne” i „sterowanie wsadowe”? Podać przykłady.
54. Wyjaśnić podstawy składni poleceń w znanej powłoce znanego systemu operacyjnego.
55. Jakie są i do czego służą standardowe strumienie danych przydzielane uruchamianemu procesowi?
56. Omówić standardowe strumienie danych wejściowych, wynikowych i diagnostycznych oraz sposoby wykorzystania ich do współdziałania procesów.
57. Co to jest plik wykonywalny; jakie warunki musi spełniać plik, by dało się go uruchamiać w znanym środowisku operacyjnym?
58. Co to jest proces w systemie operacyjnym; w jaki sposób można zarządzać przebiegiem uruchomionych procesów w wybranym systemie operacyjnym?
59. Co to jest kod zakończenia procesu; po co i kiedy się go używa, jak zarządzać jego wartością, jak go sprawdzać?
60. Jakie cele realizuje i na czym polega instalacja oprogramowania? Omówić typowe formaty pakietów instalacyjnych w znanych systemach operacyjnych.
61. Omówić spotykane w praktyce rodzaje licencji oprogramowania.
62. Wymienić znane systemy operacyjne i omówić najważniejsze różnice między nimi.
63. Co to są prawa dostępu do plików i jak można nimi zarządzać w wybranych systemach operacyjnych?
64. Czym są moduły oraz pakiety? Podać metody zarządzania nimi i ich instalowania w wybranych systemach prowadzenia obliczeń.
65. Podać i scharakteryzować znane algorytmy służące do przyrównania dwóch sekwencji nukleotydowych.
66. Podać i scharakteryzować znane algorytmy służące do przyrównania więcej niż dwóch sekwencji nukleotydowych.
67. Czym są algorytmy heurystyczne?
68. Omówić współczesną, dowolnie wybraną publikację naukową ilustrującą zastosowanie najnowszych algorytmów w analizie danych biologicznych.



### III. BLOK STATYSTYCZNY

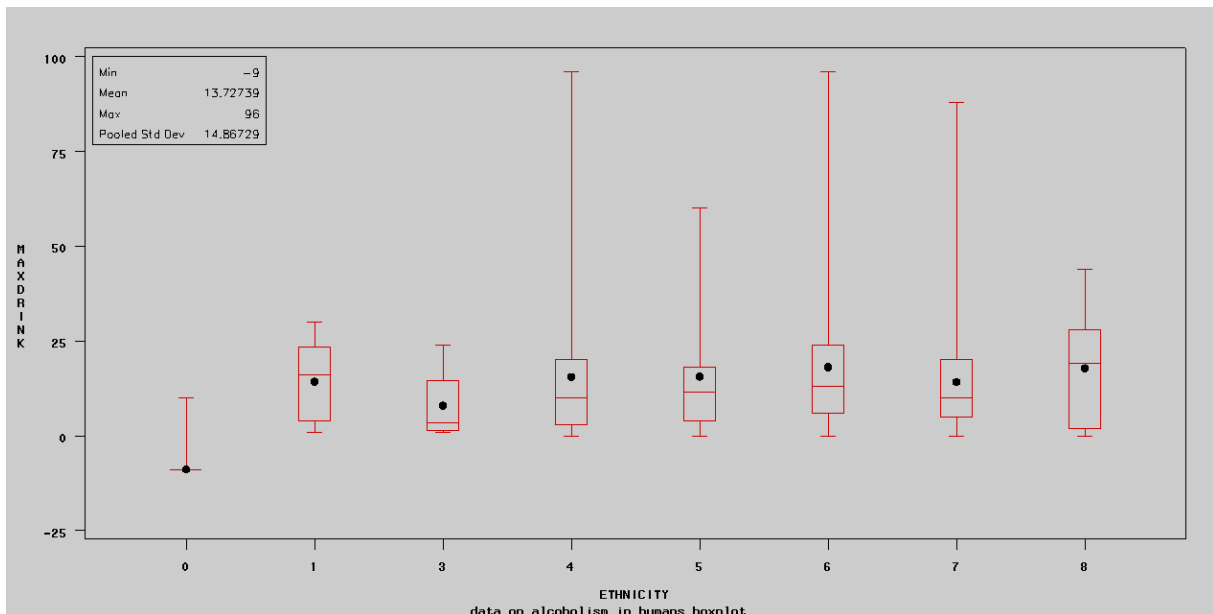
1. Podać definicję prawdopodobieństwa warunkowego. Sformułować twierdzenie o prawdopodobieństwie całkowitym.
2. Sformułować twierdzenie Bayesa.
3. Podać definicję zmiennej losowej o rozkładzie dwumianowym. Podać wartość oczekiwaną i wariancję zmiennej losowej o rozkładzie dwumianowym o zadanych parametrach.
4. Podać definicję zmiennej losowej o rozkładzie normalnym. Podać wartość oczekiwaną i wariancję zmiennej losowej o rozkładzie normalnym o zadanych parametrach.
5. Podać definicję zmiennej losowej o rozkładzie wykładniczym. Jak wyznaczyć momenty dla tego rozkładu?
6. Podać definicję wartości oczekiwanej dla zmiennej losowej typu skokowego i dla zmiennej losowej typu ciągłego.
7. Podać definicję wariancji dla zmiennej losowej typu skokowego i dla zmiennej losowej typu ciągłego.
8. Podać definicję współczynnika korelacji dla pary zmiennych losowych. Czy zmienne losowe, dla których współczynnik korelacji jest równy zero, są niezależne?
9. Na przykładzie analizy regresji liniowej omówić metodę najmniejszych kwadratów.
10. Opisać model Gaussa Markowa.
11. O czym mówi współczynnik determinacji w regresji liniowej? Jaki wzór służy do wyznaczania tego współczynnika?
12. Wymienić dwie metody estymacji parametrów w regresji liniowej i opisać proces estymacji przy użyciu jednej z nich.
13. Przy pomocy jakich testów statystycznych można określić czy parametry w modelu regresji liniowej są statystycznie istotne?
14. Przy pomocy jakich kryteriów można porównywać modele regresji liniowej?
15. Opisać na czym polega analiza wariancji. Jakie są główne założenia tego modelu?
16. Co to są obserwacje odstające? Przy pomocy jakich narzędzi można wyznaczyć obserwacje odstające?
17. Co to jest regresja logistyczna? Jakie są jej główne założenia?
18. Przy pomocy jakich kryteriów można porównywać modele regresji logistycznej?

19. Jakie są główne założenia metody drzew klasyfikacyjnych? Do czego ta metoda może być wykorzystywana?
20. Jakie są główne założenia metody bootstrap? Do czego ta metoda może być wykorzystywana?
21. Jaka jest różnica między parametrem i jego estymatorem? Wymień metody estymacji parametrycznej.
22. Omówić kolejne etapy weryfikacji hipotez statystycznych.
23. Na czym polega różnica między błędem pierwszego rodzaju i błędem drugiego rodzaju?
24. Co to jest moc testu i od czego zależy?
25. Co to jest wartość krytyczna i poziom istotności?
26. Omówić dwa parametryczne testy istotności.
27. Omówić dwa nieparametryczne testy istotności.
28. O czym informuje współczynnik korelacji? Na czym polega różnica między współczynnikiem korelacji rang Spearmana i współczynnikiem korelacji liniowej Pearsona?
29. Omówić, na czym polega różnica między testami parametrycznymi i testami nieparametrycznymi.
30. Omówić zagadnienie testowania hipotezy dotyczącej średniej dla próby pochodzącej z rozkładu normalnego.
31. Omówić zagadnienie testowania hipotezy dotyczącej średnich w dwóch próbach o rozkładzie normalnym.
32. Omówić zagadnienie testowania hipotezy dotyczącej wariancji dla próby pochodzącej z rozkładu normalnego.
33. Omówić znane testy zgodności rozkładów. Omów problem testowania hipotezy mówiącej, że próba pochodzi z rozkładu normalnego  $N(0, 1)$ .
34. Do testowania jakich hipotez statystycznych można wykorzystać test  $\chi^2$ ?
35. Korzystając z pakietów statystycznych decyzję o przyjęciu lub odrzuceniu hipotezy zerowej podejmuje się zwykle na podstawie P-wartości. Jaka jest interpretacja pojęcia P-wartości i w jaki sposób na jego podstawie podejmuje się decyzję w zagadnieniach testowania?
36. W jaki sposób obszar krytyczny testu zależy od hipotezy alternatywnej w przypadku testu dotyczącego średniej w próbie pochodzącej z rozkładu normalnego?

37. Jakie założenia powinny być spełnione, aby w zagadnieniu testowania hipotezy dotyczącej średniej można było użyć testu t-Studenta? Jakiego testu można użyć, gdy jakieś z założeń nie jest spełnione?
38. Jakie znaczenie ma liczebność próby statystycznej, w zagadnieniu testowania hipotezy statystycznej?
39. Jaka jest różnica między estymacją punktową i estymacją przedziałową?
40. Za pomocą jakich kryteriów można porównywać między sobą estymatory?
41. Jakie własności powinien posiadać dobry estymator?
42. Wymień znane metody konstrukcji estymatorów.
43. Od czego zależy długość przedziału ufności dla średniej?
44. Na czym polega metoda największej wiarygodności?
45. Wymień znane transformacje danych.
46. Do czego służą testy post hoc? Wymień kilka z nich.
47. Na czym polega problem Behrensa-Fishera?
48. Wymień znane testy rangowe? Kiedy są stosowane?
49. Omówić znane testy jednorodności rozkładów.
50. Omówić metodę momentów na przykładzie rozkładu wykładniczego.
51. Co to jest funkcja wiarygodności? Podać jej postać dla dwóch wybranych rozkładów prawdopodobieństwa.
52. Stosując składnię dowolnego pakietu statystycznego lub języka programowania przedstawić kod służący do przeprowadzenia jednoczynnikowej analizy wariancji.
53. Zinterpretować poniższy wynik uzyskany w pakiecie R:

```
Call:
lm(formula = MASA ~ ROK_URODZENIA, data = wroclaw)
Residuals:
  Min   1Q Median   3Q   Max
-29.854 -10.240 -4.471  6.107 68.068
Coefficients:
            Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept)  36.00663   1.99706  18.030 < 2e-16 ***
ROK_URODZENIA -0.38452   0.08303  -4.631 4.46e-06 ***
```

54. Zinterpretować poniższy wykres. Jak nazywa się taki rodzaj wykresu?



55. Scharakteryzować algorytmy budowania odległości ewolucyjnej.

56. Podać i scharakteryzować algorytmy klasyfikacyjne.

57. Czym jest zbiór treningowy i testowy?

58. Omówić współczesną, dowolnie wybraną publikację naukową ilustrującą zastosowanie zaawansowanych technik statystycznych w analizie danych biologicznych.