

**Lista pytań kierunkowych na egzaminy dyplomowe magisterskie**  
st. stacjonarne II stopnia, kierunek: Informatyka

1. Parametry opisu warunków ruchowych i ich wpływ na jakość pracy w systemach kolejkowych. (*Badania operacyjne – J. Konorski*)
2. Markowowskie modele systemów masowej obsługi i ich zastosowania. (*Badania operacyjne – J. Konorski*)
3. Podać definicje i zastosowania modelu programowania liniowego. (*Badania operacyjne – P. Obszarski*)
4. Klasyfikacja zagadnień szeregowania zadań. (*Badania operacyjne – K. Giaro*)
5. Wyjaśnij jak wygląda typowe przyspieszenie obliczeń w aplikacjach równoległych i od czego zależy. (*Systemy obliczeniowe wysokiej wydajności – P. Czarnul*)
6. Wyjaśnij na czym polega nakładanie obliczeń i komunikacji. W jaki sposób może zostać zrealizowane z wykorzystaniem implementacji MPI - Message Passing Interface? (*Systemy obliczeniowe wysokiej wydajności – P. Czarnul*)
7. Wymień podstawowe paradygmaty przetwarzania, które mogą być wykorzystywane przez aplikacje równoległe. (*Systemy obliczeniowe wysokiej wydajności – P. Czarnul*)
8. Omówić podstawowe założenia i cele ministerialnego programu "Polska Cyfrowa 2014-2020". (*Technologie społeczeństwa informacyjnego – P. Brudło*)
9. Scharakteryzować sektorowo zastosowanie technologii informatycznych i teleinformatycznych w projektach dla społeczeństwa informacyjnego. (*Technologie społeczeństwa informacyjnego – P. Brudło*)
10. Jakimi cechami charakteryzują się dobre generatory programowe? (*Modelowanie i symulacja systemów – R. Janczewski*)
11. Omów klasyfikacje modeli matematycznych. (*Modelowanie i symulacja systemów – R. Janczewski*)
12. Omów własności liniowego generatora kongruencyjnego. (*Modelowanie i symulacja systemów – R. Janczewski*)
13. Scharakteryzuj zjawisko konwergencji w kontekście globalnej infrastruktury informacyjnej. (*Globalna infrastruktura informacyjna – T. Gierszewski*)
14. Przedstaw i porównaj protokoły Diameter oraz RADIUS w kontekście globalnej infrastruktury informacyjnej. (*Globalna infrastruktura informacyjna – T. Gierszewski*)
15. Zestawianie pary sekwencji i wielu sekwencji biologicznych - definicje, sposoby oceny, aspekty algorytmiczne. (*Elementy bioinformatyki – K. Giaro*)
16. Metody rekonstrukcji drzew filogenetycznych. (*Elementy bioinformatyki – K. Giaro*)