



JAGIELLONIAN
UNIVERSITY
IN KRAKÓW

Bioinformatyka 2

Educational subject description sheet

Basic information

Field of study Molecular and Cellular Biophysics		Education cycle 2025/26	
Speciality -		Realization year 2025/26, 2026/27	
Organizational unit Faculty of Biochemistry, Biophysics and Biotechnology		Subject code UJ.WBtBMKS.25.00849.25	
Study level second cycle		Lecture languages polish	
Study form full-time degree programme		Disciplines Computer Sciences	
Education profile General academic		ISCED classification 0588 Interdisciplinary programmes involving broad field 05	
Mandatory elective		USOS code WBT-BINF2-1.1	
Subject coordinator		Krzysztof Murzyn	
Lecturer		Krzysztof Murzyn, Adrian Kania, Krzysztof Sarapata, Michał Bukowski, Rafał Mostowy	
Periods Semester 1, Semester 3		Examination graded credit	
		Activities and hours Classes: 40 Lecture: 20	
		Number of ECTS points 5.0	

Goals

C1	Zapoznanie studentów z zaawansowanymi zagadnieniami z zakresu bioinformatyki, w szczególności z: (1) obsługą potoków analitycznych w analizach bioinformatycznych, (2) programowaniem w języku Python w zakresie pozwalającym na pozyskiwanie, przetwarzanie oraz wizualizację wyników analizy danych biologicznych, (3) przebiegiem analizy danych z sekwencjonowania technikami wysokoprzepustowymi, (4) technikami nauczania maszynowego w zastosowaniach do analizy różnorodnych danych biologicznych, (5) modelowaniem, przewidywaniem i walidacją struktury białek i RNA, (6) analizą danych w metagenomice i transkryptomice oraz (7) wybranymi zagadnieniami bioinformatyki mikrobiomu.
----	---

Subject's learning outcomes

Code	Outcomes in terms of	Effects	Examination methods
Knowledge - Student knows and understands:			
W1	najważniejsze zagadnienia bioinformatyki sekwencji (metody porównywania sekwencji z dopasowaniem i bez dopasowania, przeszukiwanie baz danych sekwencji, ontologia genowa, molekularna analiza filogenetyczna)	BMK_K2_W07, BMK_K2_W08	credit with grade, credit
W2	zastosowanie programowania w języku Python w zakresie wystarczającym do pozyskiwania i przetwarzania różnorodnych danych biologicznych oraz wykorzystania klasycznych technik nauczania maszynowego w zastosowaniu do analizy takich danych	BMK_K2_W07, BMK_K2_W08	credit with grade, credit
W3	techniki przetwarzania i analizy danych z sekwencjonowania metodami wysokoprzepustowymi a także rolę tych metod w badaniach z zakresu transkryptomiki i metagenomiki oraz badań mikrobiomu	BMK_K2_W07, BMK_K2_W08	credit with grade, credit
W4	hierarchiczny opis struktury przestrzennej białek i RNA, a także metody wykorzystywane do wyznaczania i przewidywania takiej struktury oraz walidacji modeli komputerowych	BMK_K2_W07, BMK_K2_W08	credit with grade, credit
Skills - Student can:			
U1	pozyskiwać i przetwarzać różnorodne dane biologiczne na potrzeby przewidywania struktury i funkcji białek i genów	BMK_K2_U06, BMK_K2_U09, BMK_K2_U10, BMK_K2_U12, BMK_K2_U15	credit with grade, credit
U2	przeprowadzić złożoną, wieloetapową analizę właściwych danych biologicznych z wykorzystaniem odpowiednich technik bioinformatycznych	BMK_K2_U06	credit with grade, credit
U3	zaprojektować i zaimplementować program komputerowy na potrzeby przeprowadzenia zaawansowanej analizy danych biologicznych	BMK_K2_U06, BMK_K2_U10, BMK_K2_U12	credit with grade, credit
Social competences - Student is ready for:			
K1	samodzielnej i zespołowej pracy nad realizacją wskazanego zadania oraz zwięzłego przedstawienia uzyskanych rozwiązań	BMK_K2_K01	credit

Code	Outcomes in terms of	Effects	Examination methods
K2	samodzielnego poszerzania i pogłębiania swojej wiedzy z zakresu zaawansowanych technik analizy danych biologicznych	BMK_K2_K04, BMK_K2_K06	credit

Calculation of ECTS points

Activity form	Activity hours*	
Classes	40	
Lecture	20	
preparation for the exam	20	
preparation for exercises	24	
analysis of literature given by the teacher	22	
preparation for final test	24	
Student workload	Hours 150	ECTS 5.0

* hour means 45 minutes

Study content

No.	Course content	Subject's learning outcomes
1.	Wprowadzenie do prowadzenia obliczeń naukowych w języku Python. Tworzenie w środowisku programistycznym Jupyter skryptów automatyzujących sekwencyjne wykorzystanie różnych narzędzi bioinformatycznych i przetwarzanie wyników ich działania (tworzenie tzw. potoków analitycznych). Wykorzystanie klasycznych technik nauczania maszynowego w analizie danych biologicznych.	W1, W2, U1, K1, K2
2.	Metody wyznaczania struktury przestrzennej białek. Rola testów porównawczych CASP i metaserwerów predykcyjnych w stymulowaniu rozwoju bioinformatyki strukturalnej. Interpretacja i walidacja wyników przewidywania struktury przestrzennej białka metodą AlphaFold.	W1, W3, W4, U1, U2, K1, K2
3.	Techniki przetwarzania i analizy danych z sekwencjonowania metodami wysokoprzepustowymi. Wykorzystanie potoków analitycznych na serwerze Galaxy w badaniach z zakresu transkryptomiki, metagenomiki oraz badań mikrobiomu.	W1, W2, W3, W4, U1, U2, U3, K1, K2
4.	Bioinformatyka RNA. Różnorodność strukturalna i funkcjonalna RNA. Metody modelowania struktury drugorzędowej RNA obejmujące algorytmy programowania dynamicznego, modele energii swobodnej, metody najbliższego sąsiedztwa, gramatyki bezkontekstowe, modele stochastyczne.	W1, W4, U2, K1, K2

Course advanced

Teaching methods :

conversation lecture, lecture with multimedia presentation, case study, solving tasks, discussion, practicals, consultation

Activities	Examination methods	Credit conditions
Classes	credit	Na punktowy wynik zaliczenia ćwiczeń składają się oceny za aktywny udział w zajęciach obejmujący rozwiązywanie indywidualnie lub zespołowo zadań problemowych oraz wynik testu praktycznego rozwiązywanego indywidualnie na koniec kursu. Aby zaliczyć ćwiczenia należy zdobyć 50% maksymalnej liczby punktów. Ocena punktowa z ćwiczeń jest uwzględniana przy wyznaczeniu oceny końcowej z kursu.
Lecture	credit with grade	Ocena z wykładu jest końcową oceną z całego kursu. Na ocenę za wykład składa się wynik testu pojedynczego wyboru z pytaniami dotyczącymi teoretycznych aspektów zagadnień omawianych na wykładach i ćwiczeniach oraz wynik zaliczenia ćwiczeń. Szczegółowe warunki zaliczenia (w tym: skala ocen) podawane są na pierwszym wykładzie.

Entry requirements

Zaliczony kurs podstaw bioinformatyki w wymiarze co najmniej 3 ECTS oraz kurs z programowania w języku Python w wymiarze co najmniej 3 ECTS.

Literature

Obligatory

1. Bioinformatyka i ewolucja molekularna, Higgs i Attwood, PWN 2008

Optional

1. Python w analizie danych. Przetwarzanie danych za pomocą pakietów Pandas i NumPy oraz środowiska IPython. McKinney
2. Python w uczeniu maszynowym, Matthew Kirk, Helion

Effects

Code	Content
BMK_K2_K01	Absolwent jest gotów do odpowiedzialnej realizacji i przydzielania zadań w zespole, motywowania zespołu do terminowego wykonania zaplanowanego zadania
BMK_K2_K04	Absolwent jest gotów do/ rozumie potrzebę samorozwoju i aktywnej postawy w zdobywaniu aktualnej wiedzy – podnoszenia kompetencji zawodowych i osobistych, potrafi ukierunkować swój dalszy rozwój w kontekście rozpoznanych swoich mocnych i słabych stron, wykazuje inicjatywę w poszukiwaniach na rynku pracy
BMK_K2_K06	Absolwent jest gotów do/ ma krytyczny stosunek do uzyskanych przez siebie wyników; potrafi konstruktywnie dyskutować wyniki swoje i innych; jest otwarty na krytyczne uwagi innych
BMK_K2_U06	Absolwent potrafi dobrać specjalistyczne oprogramowanie bioinformatyczne do rodzaju problemu i krytycznie interpretować wyniki analiz
BMK_K2_U09	Absolwent potrafi efektywnie współpracować w zespole, wprowadzić podział zadań synergistycznie wykorzystując wiedzę i doświadczenia członków grupy
BMK_K2_U10	Absolwent potrafi korzystać z literatury fachowej, baz danych oraz innych źródeł oraz krytycznie je analizować
BMK_K2_U12	Absolwent potrafi odnieść zdobytą wiedzę do pokrewnych dyscyplin naukowych oraz pracować w zespołach interdyscyplinarnych
BMK_K2_U15	Absolwent potrafi określić kierunki dalszego uczenia się i zrealizować proces samokształcenia, i ukierunkowywać innych w tym zakresie
BMK_K2_W07	Absolwent zna i rozumie metody bioinformatyczne umożliwiające korzystanie z biologicznych i literaturowych baz danych
BMK_K2_W08	Absolwent zna i rozumie potrzebę integrowania rezultatów badań empirycznych i modeli bioinformatycznych