



UNIWERSYTET
JAGIELLOŃSKI
W KRAKOWIE

Bioinformatyka 2

Karta opisu przedmiotu

Informacje podstawowe

Kierunek studiów Biofizyka molekularna i komórkowa		Cykl kształcenia 2025/26
Ścieżka -		Rok realizacji 2025/26, 2026/27
Jednostka organizacyjna Wydział Biochemii, Biofizyki i Biotechnologii		Kod przedmiotu UJ.WBtBMKS.25.00849.25
Poziom kształcenia drugiego stopnia		Języki wykładowe polski
Forma studiów studia stacjonarne		Dyscypliny Informatyka
Profil studiów ogólnoakademicki		Klasyfikacja ISCED 0588 Interdyscyplinarne programy i kwalifikacje obejmujące nauki przyrodnicze, matematykę i statystykę
Obligatoryjność fakultatywny		Kod USOS WBT-BINF2-1.1
Koordynator przedmiotu	Krzysztof Murzyn	
Prowadzący zajęcia	Krzysztof Murzyn, Adrian Kania, Krzysztof Sarapata, Michał Bukowski, Rafał Mostowy	
Okresy Semestr 1, Semestr 3	Forma weryfikacji uzyskanych efektów uczenia się zaliczenie na ocenę Forma prowadzenia i godziny zajęć ćwiczenia: 40 wykład: 20	Liczba punktów ECTS 5.0

Cele kształcenia dla przedmiotu

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.
----	---

Efekty uczenia się dla przedmiotu

Kod	Efekty w zakresie	Kierunkowe efekty uczenia się	Metody weryfikacji
Wiedzy - Student zna i rozumie:			
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	zaliczenie na ocenę, zaliczenie
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	zaliczenie na ocenę, zaliczenie
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	zaliczenie na ocenę, zaliczenie
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	zaliczenie na ocenę, zaliczenie
Umiejętności - Student potrafi:			
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	zaliczenie na ocenę, zaliczenie
U2	przeprowadzić złożoną, wieloetapową analizę właściwych danych biologicznych z wykorzystaniem odpowiednich technik bioinformatycznych	BMK_K2_U06	zaliczenie na ocenę, zaliczenie
U3	zaprojektować i zaimplementować program komputerowy na potrzeby przeprowadzenia zaawansowanej analizy danych biologicznych	BMK_K2_U06, BMK_K2_U10, BMK_K2_U12	zaliczenie na ocenę, zaliczenie
Kompetencji społecznych - Student jest gotów do:			
K1	samodzielnej i zespołowej pracy nad realizacją wskazanego zadania oraz zwięzłego przedstawienia uzyskanych rozwiązań	BMK_K2_K01	zaliczenie

Kod	Efekty w zakresie	Kierunkowe efekty uczenia się	Metody weryfikacji
K2	samodzielnego poszerzania i pogłębiania swojej wiedzy z zakresu zaawansowanych technik analizy danych biologicznych	BMK_K2_K04, BMK_K2_K06	zaliczenie

Bilans punktów ECTS

Forma aktywności studenta	Średnia liczba godzin* przeznaczonych na zrealizowane rodzaje zajęć
ćwiczenia	40
wykład	20
przygotowanie do egzaminu	20
przygotowanie do ćwiczeń	24
studiowanie literatury wskazanej przez prowadzącego zajęcia	22
przygotowanie do testu zaliczeniowego	24
Łączny nakład pracy studenta	Liczba godzin 150
	ECTS 5.0

* godzina (lekcyjna) oznacza 45 minut

Treści programowe

Lp.	Treści programowe	Efekty uczenia się dla przedmiotu
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

Informacje rozszerzone

Metody nauczania :

wykład konwersatoryjny, wykład z prezentacją multimedialną, analiza przypadków, rozwiązywanie zadań, dyskusja, ćwiczenia przedmiotowe, konsultacje

Rodzaj zajęć	Formy zaliczenia	Warunki zaliczenia przedmiotu
ćwiczenia	zaliczenie	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.
wykład	zaliczenie na ocenę	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.

Wymagania wstępne i dodatkowe

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

Literatura

Obowiązkowa

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

Dodatkowa

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

Kierunkowe efekty uczenia się

Kod	Treść
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