



Program Studiów

2026/2027

Wydział Informatyki

Kierunek: **Bioinformatyka**

Stopień: **drugi**

Forma: **stacjonarne, polskojęzyczne**

Podstawa prawna

Art. 53 i Art. 67 Ustawy Prawo o Szkolnictwie Wyższym i Nauce z dnia z dnia 20 lipca 2018 r. (Dz. U. 2018 poz. 1668), Rozporządzenie Ministra Nauki i Szkolnictwa Wyższego z dnia 27 września 2018 r. w sprawie studiów oraz Rozporządzenie Ministra Nauki i Szkolnictwa Wyższego z dnia 14 listopada 2018 r. w sprawie charakterystyk drugiego stopnia efektów uczenia się dla kwalifikacji na poziomach 6-8 Polskiej Ramy Kwalifikacji

Nazwa kierunku: Bioinformatyka

Poziom: Drugi stopień, Poziom 7 PRK

Profil: Ogólnoakademicki

Forma: Stacjonarne

Język wykładowy: Polski

Kierunek przyporządkowany do dyscypliny: Informatyka techniczna i telekomunikacja

Liczba semestrów: 4

Liczba punktów ECTS konieczna do ukończenia studiów: 120

Tytuł zawodowy nadawany absolwentom: Magister, Magister inżynier

Łączna liczba godzin zajęć: 3000

Liczbę punktów ECTS w ramach zajęć z dziedziny nauk humanistycznych lub nauk społecznych: 6

Liczba godzin zajęć z bezpośrednim udziałem nauczycieli akademickich lub innych osób prowadzących zajęcia i studentów:

1584 (52,8%)

Łączna liczba punktów ECTS przyporządkowana zajęciom związanym z prowadzoną w uczelni działalnością naukową w dyscyplinie lub dyscyplinach, do których przyporządkowany jest kierunek studiów:

120

Liczba punktów ECTS objętych programem studiów uzyskiwana w ramach zajęć do wyboru:

63 (52,5%)

Kierunkowe efekty uczenia się:

Poniższa tabela prezentuje pełny zakres efektów uczenia się określonych w rozporządzeniu MNiSW z dnia 14 listopada 2018 r. w sprawie charakterystyk drugiego stopnia efektów uczenia się dla kwalifikacji na poziomach 6-8 Polskiej Ramy Kwalifikacji wydanym na podstawie art. 68 ust. 3 ustawy, określającym standard kształcenia przygotowującego do wykonywania zawodu właściwy dla prezentowanych w tym Programie Studiów.

Kierunkowe	Kategoria	PRK ogólne
WIEDZA: ABSOLWENT ZNA I ROZUMIE		
B_W01	w pogłębionym stopniu – metody, algorytmy i narzędzia bioinformatyczne stosowane w analizie danych biologicznych, w tym podejścia do analizy sekwencji nukleotydowych i aminokwasowych oraz złożone zależności między danymi biologicznymi a metodami ich przetwarzania	P7S_WG
B_W02	strukturę, organizację i funkcje makromolekuł biologicznych (DNA, RNA, białka) w stopniu umożliwiającym interpretację wyników analiz bioinformatycznych, w tym mechanizmy regulacji ekspresji genów, zmienność genetyczną i jej konsekwencje funkcjonalne	P7S_WG
B_W03	technologie sekwencjonowania nowej generacji (NGS), metody przetwarzania danych genomowych, transkryptomicznych, epigenomicznych i metagenomicznych, w tym pangenomikę i transkryptomikę pojedynczych komórek	P7S_WG
B_W04	metody bioinformatyki strukturalnej białek, w tym zasady modelowania trójwymiarowych struktur białkowych, dokowania molekularnego, dynamiki molekularnej, analizy oddziaływań białko-ligand oraz białko-białko, a także metody proteomiki obliczeniowej i inżynierii białek in silico	P7S_WG
B_W05	metody matematyczne, statystyczne oraz uczenia maszynowego i głębokiego stosowane w analizie danych biologicznych, w tym architektury sieci neuronowych, modele transformerowe, grafowe sieci neuronowe i modele generatywne w kontekście zastosowań bioinformatycznych	P7S_WG
B_W06	zasady programowania w językach Python i R, projektowania potoków analitycznych, automatyzacji analiz oraz architektury oprogramowania bioinformatycznego, w tym cykl życia produktu programistycznego	P7S_WG
B_W07	architekturę systemów informatycznych wykorzystywanych w bioinformatyce, w tym systemy operacyjne typu Linux, konteneryzację, orkiestrację, środowiska chmurowe, rozwiązania klastrowe i przetwarzanie dużych zbiorów danych (Big Data)	P7S_WG
B_W08	ekonomiczne, prawne i etyczne uwarunkowania działalności zawodowej w bioinformatyce, w tym zasady ochrony własności intelektualnej, prawa autorskiego, ochrony danych osobowych i medycznych oraz regulacje dotyczące certyfikacji oprogramowania diagnostycznego i wyrobów medycznych	P7S_WK
B_W09	podstawowe zasady tworzenia i rozwoju różnych form przedsiębiorczości, modele biznesowe w bioinformatyce i technologiach biomedycznych, strategie komercjalizacji technologii oraz metody zarządzania projektami badawczo-rozwojowymi	P7S_WK
B_W10	główne tendencje rozwojowe w bioinformatyce i naukach o życiu, w tym rolę sztucznej inteligencji w analizie danych biologicznych, integrację danych wieloomicznych oraz kierunki rozwoju medycyny spersonalizowanej i diagnostyki molekularnej	P7S_WG
UMIEJĘTNOŚCI: ABSOLWENT POTRAFI		

B_U01	samodzielnie projektować i implementować programy oraz potoki analityczne do przetwarzania, analizy i wizualizacji danych biologicznych, z wykorzystaniem odpowiednich bibliotek i narzędzi bioinformatycznych	P7S_UW
B_U02	przeprowadzać kompletne analizy danych z sekwencjonowania nowej generacji – w tym od kontroli jakości surowych odczytów, przez mapowanie, wykrywanie i adnotację wariantów, po interpretację wyników w kontekście biologicznym i klinicznym oraz transkryptomyczne (RNA-seq) i metagenomiczne	P7S_UW
B_U03	analizować struktury trójwymiarowe białek, modelować oddziaływania molekularne metodami dokowania, przeprowadzać symulacje dynamiki molekularnej, oceniać jakość modeli strukturalnych oraz stosować metody wirtualnego screeningu i inżynierii białek in silico	P7S_UW
B_U04	dobierać, trenować, walidować i interpretować modele uczenia maszynowego i głębokiego do rozwiązywania problemów bioinformatycznych, z uwzględnieniem wyjaśnialności modeli, sprawiedliwości algorytmicznej i ochrony prywatności danych	P7S_UW
B_U05	stosować metody statystyczne do analizy danych biologicznych, w tym testowanie hipotez, analizę wielokrotnych porównań, modelowanie liniowe i metody redukcji wymiaru, oraz krytycznie interpretować wyniki analiz z uwzględnieniem ograniczeń wnioskowania statystycznego	P7S_UW
B_U06	pracować w środowisku Linux, stosować systemy kontroli wersji, tworzyć i zarządzać kontenerami, projektować reprodukowalne środowiska analityczne oraz wdrażać rozwiązania bioinformatyczne w środowiskach chmurowych i klastrowych	P7S_UW
B_U07	projektować i wdrażać produkty bioinformatyczne (oprogramowanie, platformy, usługi), stosując zasady inżynierii oprogramowania, zapewnienia jakości, skalowalności i bezpieczeństwa systemów informatycznych	P7S_UW
B_U08	formułować i testować hipotezy badawcze związane z problemami bioinformatycznymi, dobierać odpowiednie metody analizy, krytycznie oceniać wyniki i formułować wnioski w kontekście aktualnego stanu wiedzy	P7S_UW
B_U09	integrować dane i wyniki z różnych poziomów analizy biologicznej (genomowej, transkryptomicznej, proteomicznej, strukturalnej) w celu kompleksowej interpretacji zjawisk biologicznych	P7S_UW
B_U10	komunikować się na tematy specjalistyczne z zakresu bioinformatyki ze zróżnicowanymi kręgami odbiorców, w tym przygotowywać dokumentację techniczną, prezentacje wyników analiz i prezentacje inwestorskie, prowadzić debatę naukową	P7S_UK
B_U11	kierować pracą zespołu interdyscyplinarnego, planować i realizować projekty bioinformatyczne z wykorzystaniem metodyk zarządzania projektami, podejmować wiodącą rolę w zespołach badawczych i wdrożeniowych	P7S_UO
B_U12	samodzielnie planować i realizować własne uczenie się przez całe życie, śledzić rozwój narzędzi i metod bioinformatycznych oraz ukierunkowywać innych w tym zakresie	P7S_UU

KOMPETENCJE SPOŁECZNE: ABSOLWENT JEST GOTÓW DO		
B_K01	krytycznej oceny posiadanej wiedzy i odbieranych treści z zakresu bioinformatyki i nauk pokrewnych oraz uznawania znaczenia wiedzy w rozwiązywaniu złożonych problemów analitycznych i badawczych	P7S_KK
B_K02	zasięgania opinii ekspertów z różnych dziedzin (biologia, informatyka, medycyna, statystyka) w przypadku trudności z samodzielnym rozwiązaniem problemu interdyscyplinarnego	P7S_KK
B_K03	wypełniania zobowiązań społecznych, inspirowania i organizowania działalności na rzecz środowiska społecznego, w tym popularyzacji wiedzy z zakresu bioinformatyki i jej zastosowań w ochronie zdrowia	P7S_KO
B_K04	myślenia i działania w sposób przedsiębiorczy, inicjowania działań na rzecz interesu publicznego, w tym identyfikacji możliwości komercjalizacji rozwiązań bioinformatycznych i tworzenia innowacji technologicznych	P7S_KO
B_K05	odpowiedzialnego pełnienia ról zawodowych w kontekście bioinformatyki, z uwzględnieniem zmieniających się potrzeb społecznych, w tym rozwijania dorobku zawodu, podtrzymywania etosu zawodowego oraz przestrzegania i rozwijania zasad etyki zawodowej	P7S_KR
B_K06	odpowiedzialnego postępowania z danymi biologicznymi, genetycznymi i medycznymi, z uwzględnieniem zasad ochrony prywatności, świadomej zgody i etycznych aspektów zastosowań sztucznej inteligencji w naukach o życiu	P7S_KR
B_K07	efektywnej współpracy w zespołach interdyscyplinarnych łączących specjalistów z zakresu informatyki, biologii, medycyny i biznesu, z uwzględnieniem różnorodności kompetencji i perspektyw	P7S_KO

Objaśnienia oznaczeń:

K (przed podkreślnikiem) – kierunkowe efekty uczenia się

W – kategoria wiedzy

U – kategoria umiejętności

K – kategoria kompetencji społecznych

Charakterystyki poziomów PRK:

→ P – poziom PRK (7)

→ S – charakterystyka typowa dla kwalifikacji uzyskiwanych w ramach szkolnictwa wyższego

W (wiedza)

→ G – głębia i zakres

→ K – kontekst

U (umiejętności)

→ W – wykorzystywanie wiedzy

→ K – komunikowanie się

→ O – organizacja pracy

→ U – uczenie się

K (kompetencje społeczne)

→ K – krytyczna ocena

→ O – odpowiedzialność

→ R – rola zawodowa

Charakterystyka kierunku studiów

Bioinformatyka to dynamicznie rozwijający się interdyscyplinarny obszar łączący kompetencje informatyczne z wiedzą biologiczną, odpowiadający na realne zapotrzebowanie współczesnego rynku pracy, w szczególności innowacyjnych przedsiębiorstw i startupów z obszaru R&D. Kierunek studiów II stopnia Bioinformatyka został zaprojektowany z myślą o kształceniu wysoko wykwalifikowanych specjalistów gotowych do podjęcia pracy w sektorze zaawansowanych technologii, w szczególności **biotechnologicznym, farmaceutycznym, diagnostycznym** oraz innych branżach wymagających interdyscyplinarnego łączenia zastosowań zaawansowanych metod, narzędzi i technik informatycznych, w tym uczenia maszynowego i sztucznej inteligencji i najnowszych osiągnięć w naukach przyrodniczych (life sciences). W odróżnieniu od klasycznych kierunków przyrodniczych, **absolwent bioinformatyki PJATK** dysponuje unikalnymi kompetencjami cyfrowymi, które umożliwiają mu pracę w **interdyscyplinarnych, międzynarodowych zespołach**, w tym pracę zdalną dla pracodawców z całego świata – bez konieczności fizycznej obecności w laboratorium.

Program studiów został skonstruowany w sposób **modułowy**. Pierwszy semestr dostarcza solidnych fundamentów informatycznych, w tym programowania, w szczególności w języku Python, pracy w środowisku Linux, wykorzystania systemów kontroli wersji oraz podstaw matematyczno-statystycznych niezbędnych w analizie danych biologicznych. Kolejne semestry pozwalają na wybór zakresu specjalistycznego w jednym z **trzech komplementarnych obszarów**: analizie genomów i transkryptomów, bioinformatyce strukturalnej białek lub komercjalizacji i transferze technologii. Dzięki możliwości wyboru przedmiotów obieralnych z innych specjalizacji, studenci mogą **elastycznie kształtować swój profil kompetencyjny**.

Kluczowym elementem wyróżniającym nasz program jest integracja narzędzi **sztucznej inteligencji** we wszystkich przedmiotach. Program zakłada, że nowoczesne metody, narzędzia i techniki uczenia maszynowego, w tym sieci neuronowe i modele językowe stanowią naturalne narzędzie pracy bioinformatyka i będą **wykorzystywane przekrojowo** – od analizy sekwencji, przez modelowanie struktur białkowych, po automatyzację procesów analitycznych. Takie podejście **odzwierciedla rzeczywistość zawodową**, w której **AI jest integralną częścią warsztatu bioinformatyka**.

Uzasadnienie potrzeby uruchomienia kierunku

2.1. Przewaga zawodowa bioinformatyka nad „klasycznym” biotechnologiem i biologiem

Dane płacowe jednoznacznie wskazują na istotną ekonomiczną **przewagę bioinformatyki** nad klasycznymi zawodami biologicznymi. Zgodnie z Ogólnopolskim Badaniem Wynagrodzeń (Sedlak & Sedlak), według stanu na styczeń 2026 r., mediana miesięcznego wynagrodzenia bioinformatyka w Polsce wynosi 9 540 PLN brutto, a górny kwartyl przekracza 14 120 PLN brutto.

Dla porównania, mediana wynagrodzenia biotechnologa wynosi 7 120 PLN brutto, natomiast biologa 7 200 PLN brutto, przy górnym kwartylu na poziomie 10 620 PLN. Oznacza to, że bioinformatyk zarabia przeciętnie około 34% więcej niż biotechnolog na porównywalnym poziomie stanowiska, a jego potencjał wzrostu wynagrodzenia (górny kwartyl) jest wyraźnie wyższy niż w klasycznych zawodach przyrodniczych.

Różnice te są jeszcze bardziej widoczne w ujęciu **międzynarodowym**. Według danych U.S. Bureau of Labor Statistics (OEWS, maj 2024), mediana rocznego wynagrodzenia specjalistów z obszaru bioinformatyki i biologii obliczeniowej wynosi 93 330 USD, podczas gdy biological technician (laboratoryjny biotechnolog) osiąga medianę 52 000 USD rocznie, co oznacza niemal **dwukrotną różnicę**.

Na rynku europejskim podobna dysproporcja jest obserwowalna. W Niemczech typowe wynagrodzenie bioinformatyka mieści się w przedziale ok. 45 000–64 000 EUR rocznie (dane StepStone), natomiast w Wielkiej Brytanii średnie wynagrodzenie dla stanowisk bioinformatycznych wynosi około 45 000 GBP rocznie, z istotnymi wzrostami w wyspecjalizowanych rolach i dużych ośrodkach badawczych (Indeed, PayScale).

Zestawienie tych danych jednoznacznie wskazuje, że **bioinformatyka stanowi obecnie jeden z najbardziej perspektywicznych kierunków rozwoju kariery**, zarówno pod względem stabilności zatrudnienia, jak i długoterminowego potencjału wynagrodzeń. Dodatkowo na ww. przewagę wskazują badania zapotrzebowania specjalistów. Przykładowo U.S. Bureau of Labor Statistics prognozuje 20% wzrost zatrudnienia w zawodzie Computer and Information Research Scientists w latach 2024–2034, określając ten wzrost jako „znacznie szybszy niż średnia”. Jest to kategoria ról silnie powiązana kompetencyjnie z bioinformatyką (badania obliczeniowe, algorytmy, analiza danych, modelowanie). Dla porównania, BLS prognozuje 6% wzrost zatrudnienia w latach 2024–2034 dla Biochemists and Biophysicists, czyli jednej z klasycznych kategorii zawodów laboratoryjnych w naukach o życiu.

2.2. Grupa docelowa: absolwenci kierunków przyrodniczych szukający lepszych perspektyw

Kierunek jest adresowany do **absolwentów studiów I stopnia**, przede wszystkim biotechnologii, biologii, chemii, ochrony środowiska oraz pokrewnych kierunków przyrodniczych, którzy poszukują ścieżki rozwoju kompetencji o wysokiej wartości rynkowej i większej elastyczności zawodowej. Według danych Głównego Urzędu Statystycznego, w roku akademickim 2023/24 dyplom ukończenia studiów uzyskało 292,0 tys. absolwentów. Dane GUS wskazują, że 55% absolwentów stanowią absolwenci studiów I stopnia, co odpowiada ok. 160,6 tys. osób (obliczenie własne na podstawie 292,0 tys. i udziału 55%).

Proponowany kierunek stanowi realną alternatywę dla studiów II stopnia z zakresu biotechnologii i biologii. Absolwent klasycznego magisterium z biotechnologii wchodzi na rynek pracy z podobnymi zarobkami do absolwenta licencjatu i ograniczonymi możliwościami rozwoju bez doktoratu. Absolwent magisterium z **bioinformatyki** dysponuje **kompetencjami cyfrowymi**, które są transferowalne do sektora IT, data science i sztucznej inteligencji – branż oferujących najwyższe wynagrodzenia na rynku.

2.3. Potwierdzone zapotrzebowanie: doświadczenie studiów podyplomowych PJATK

Polsko-Japońska Akademia Technik Komputerowych od kilku lat prowadzi **studia podyplomowe Bioinformatyka**, które odnotowują rosnące zainteresowanie z roku na rok. Program studiów podyplomowych przyciąga głównie absolwentów kierunków przyrodniczych pragnących zdobyć kompetencje informatyczne. Sukces tego programu potwierdza istnienie znaczącej niszy rynkowej i zapotrzebowania na kompleksowe kształcenie bioinformatyczne.

Doświadczenie zdobyte przy prowadzeniu studiów podyplomowych zostało wykorzystane przy konstruowaniu programu studiów II stopnia. Sprawdzone rozwiązania dydaktyczne, materiały i metodyka nauczania, zakorzenione w ugruntowanej pozycji kadry naszej uczelni i jej kompetencjach z obszaru informatyki, stanowią fundament nowego kierunku, który rozszerza i pogłębia treści programowe, dodając specjalizacje i komponent badawczy w formie pracy magisterskiej, również korespondujący z **potencjałem akademickim i badawczym naszej Uczelni**.

Cele kształcenia

Nadrzędnym celem kształcenia na kierunku Bioinformatyka II stopnia jest przygotowanie absolwentów do samodzielnej pracy wdrożeniowej i rozwojowej w **sektorze biotechnologicznym, farmaceutycznym, diagnostycznym oraz IT dla life sciences**, a także do prowadzenia prac badawczych. Program realizuje następujące cele:

1. Wykształcenie praktycznych **umiejętności programistycznych** (m.in. Python, R) na poziomie umożliwiającym samodzielne projektowanie i realizację potoków analitycznych dla danych biologicznych.
2. **Wiedza specjalistyczna** w ramach wybranej specjalizacji: analizy danych genomowych i transkryptomicznych, bioinformatyki strukturalnej białek lub komercjalizacji technologii – z możliwością uzupełnienia kompetencji przedmiotami z pozostałych specjalizacji.
3. **Integracja narzędzi sztucznej inteligencji** w codziennej pracy bioinformatyka – absolwent potrafi efektywnie wykorzystywać modele uczenia maszynowego, w tym duże modele językowe (LLM) i strukturalne oparte o najnowsze rozwiązania, w tym transformery, jako narzędzia wspierające analizę danych, automatyzację i rozwiązywanie problemów.
4. **Przygotowanie do pracy w środowiskach produkcyjnych** – systemy kontenerowe (Docker), systemy kontroli wersji (Git), środowiska chmurowe i rozwiązania Big Data stosowane w przemyśle biotechnologicznym i farmaceutycznym.
5. **Rozwinięcie kompetencji biznesowych** (dla zainteresowanych ścieżką menedżerską) w zakresie zarządzania projektami, komercjalizacji technologii i własności intelektualnej.
6. Przygotowanie do kontynuacji kształcenia **na studiach III stopnia** poprzez realizację pracy magisterskiej o charakterze badawczym oraz udział w seminariach naukowych.

Potencjał dydaktyczny uczelni

Polsko-Japońska Akademia Technik Komputerowych posiada ugruntowaną pozycję w **kształceniu informatyków** oraz rosnące doświadczenie w obszarze **bioinformatyki**. Realizację programu zapewnią dwie katedry: Katedra Bioinformatyki i Zastosowań Sztucznej Inteligencji oraz Katedra eXtended Reality i Systemów Immersyjnych, współpracujące w ramach interdyscyplinarnego centrum badawczego XR Center PJATK, których pracownicy dysponują szerokim spektrum kompetencji niezbędnych do realizacji programu studiów, w tym w zakresie **analizy danych, uczenia maszynowego, programowania** oraz **wizualizacji danych** biologicznych.

Kadra dydaktyczna zostanie uzupełniona specjalistami z zewnątrz – praktykami z sektora biotechnologicznego i farmaceutycznego oraz naukowcami z instytutów badawczych specjalizującymi się w genomice, proteomice i biologii strukturalnej. Model ten sprawdził się na **studiach podyplomowych**, gdzie wykładowcy łączą doświadczenie akademickie z przemysłowym (m.in. specjaliści NGS, eksperci od projektowania białek, bioinformatycy z wieloletnim stażem w firmach biotech).

Uczelnia dysponuje nowoczesną infrastrukturą laboratoryjną i obliczeniową niezbędną do realizacji programu, w tym dostępem do zasobów chmurowych wykorzystywanych w zajęciach praktycznych.

Sylwetka absolwenta

Absolwent kierunku **Bioinformatyka II stopnia** to specjalista przygotowany do pracy na stanowiskach wymagających połączenia kompetencji informatycznych z wiedzą biologiczną. Niezależnie od wybranej specjalizacji, każdy absolwent:

- Posługuje się językiem **Python** na poziomie umożliwiającym samodzielne tworzenie skryptów i aplikacji do analizy danych biologicznych.
- Pracuje w środowisku **Linux**, stosuje systemy kontroli wersji (**Git**) i konteneryzację (**Docker**) zgodnie ze standardami branżowymi.
- Rozumie podstawy **biologii molekularnej** w stopniu niezbędnym do interpretacji wyników analiz bioinformatycznych.
- Efektywnie wykorzystuje **narzędzia sztucznej inteligencji** jako wsparcie w codziennej pracy analitycznej, programistycznej i badawczej.
- Stosuje **metody statystyczne** i podstawy **uczenia maszynowego** w analizie danych biologicznych.
- Jest przygotowany do **pracy zespołowej** i **samodzielnego pogłębiania wiedzy** w szybko rozwijającej się dziedzinie.
- W zależności od wybranej specjalizacji, absolwent dodatkowo:
 - **Specjalizacja A (kwasy nukleinowe)**: projektuje i realizuje analizy danych NGS, transkryptomicznych i genomowych; pracuje z potokami Nextflow/Snakemake; interpretuje wyniki w kontekście diagnostycznym i badawczym.
 - **Specjalizacja B (białka)**: analizuje struktury białkowe, modeluje interakcje molekularne, stosuje narzędzia do dokowania i wirtualnego screeningu; rozumie zasady projektowania leków.
 - **Specjalizacja C (transfer technologii)**: zarządza projektami badawczo-rozwojowymi, rozumie procesy komercjalizacji, ochrony własności intelektualnej i budowania produktów bioinformatycznych.

Perspektywy zatrudnienia

Absolwenci kierunku są przygotowani do pracy w różnorodnych sektorach gospodarki. **Unikalna kombinacja kompetencji** informatycznych i biologicznych umożliwia zatrudnienie zarówno w firmach **biotechnologicznych, bioinformatycznych**, jak i w szeroko rozumianym **sektorze IT**. Możliwość pracy zdalnej otwiera dostęp do **pracodawców z całego świata** – absolwent może pracować dla firmy z Bostonu, Londynu czy Berlina mieszkając w Polsce, co jest niemożliwe dla klasycznego biotechnologa czy biologa laboratoryjnego.

Główne sektory zatrudnienia:

- Firmy biotechnologiczne i farmaceutyczne – analiza danych genomowych, wspieranie procesów rozwoju leków, bioinformatyka kliniczna
- Laboratoria diagnostyczne i centra onkologiczne – analiza danych sekwencjonowania w diagnostyce molekularnej, onkologii spersonalizowanej, diagnostyce chorób rzadkich
- Firmy IT i software house'y – rozwijanie oprogramowania dla sektora life sciences, platform do analizy danych medycznych, narzędzi bioinformatycznych
- Instytuty badawcze i uczelnie – prowadzenie badań, analiza danych w projektach naukowych, kariera akademicka
- Startupy biotech – jako współzałożyciele lub kluczowi pracownicy podmiotów rozwijających innowacyjne rozwiązania
- Sektor rolno-spożywczy – bioinformatyka w hodowli roślin i zwierząt, analiza mikrobiomów, kontrola jakości

Struktura programu studiów

Program studiów obejmuje 120 punktów ECTS realizowanych w ciągu 4 semestrów. Każdy przedmiot łączy wykład z ćwiczeniami praktycznymi (po 30 godzin), zapewniając równowagę między teorią a umiejętnościami aplikacyjnymi. Studenci wybierają jedną z trzech specjalizacji, a dodatkowo mogą wybrać 4 przedmioty z pozostałych specjalizacji, co umożliwia elastyczne kształtowanie profilu kompetencji.

7.1. Specjalizacja A: Bioinformatyka kwasów nukleinowych

Specjalizacja przygotowuje do pracy z danymi sekwencjonowania nowej generacji (NGS), stanowiącymi obecnie podstawę diagnostyki molekularnej, badań onkologicznych i genomiki populacyjnej. Program obejmuje pełen cykl analizy danych NGS: od kontroli jakości surowych odczytów (FASTQ), przez mapowanie do genomu referencyjnego, wykrywanie wariantów (SNP, indele, warianty strukturalne), po adnotację funkcjonalną i interpretację kliniczną.

Student poznaje techniki analizy transkryptomicznej (RNA-seq), w tym normalizację danych ekspresyjnych, analizę różnicowej ekspresji genów, identyfikację wariantów splicingowych oraz integrację z danymi proteomicznymi. Program uwzględnia również analizę danych epigenomicznych i metagenomicznych.

Absolwent specjalizacji jest przygotowany do pracy w laboratoriach diagnostycznych (sekwencjonowanie kliniczne, diagnostyka chorób rzadkich, onkologia spersonalizowana), centrach

genomicznych, podmiotach oferujących usługi sekwencjonowania oraz zespołach badawczych zajmujących się genomiką funkcjonalną.

7.2. Specjalizacja B: Bioinformatyka strukturalna i proteomika

Specjalizacja koncentruje się na strukturze i funkcji białek – kluczowym obszarze dla projektowania leków i inżynierii białek. Program obejmuje metody przewidywania struktury białek (w tym najnowsze podejścia oparte na uczeniu głębokim typu AlphaFold), analizę dynamiki molekularnej, modelowanie homologiczne oraz wizualizację struktur 3D.

Student poznaje techniki dokowania molekularnego (docking), wirtualnego screeningu bibliotek związków chemicznych oraz analizy interakcji białko-ligand. Program obejmuje również proteomikę obliczeniową: identyfikację białek z danych spektrometrii masowej, analizę modyfikacji potranslacyjnych i adnotację funkcjonalną proteomów.

Absolwent specjalizacji jest przygotowany do pracy w działach R&D firm farmaceutycznych (wsparcie projektowania leków), firmach zajmujących się inżynierią białek, zespołach badawczych biologii strukturalnej oraz firmach bioinformatycznych oferujących usługi modelowania molekularnego.

7.3. Specjalizacja C: Bioinformatyka stosowana i transfer technologii

Specjalizacja łączy kompetencje techniczne z wiedzą biznesową niezbędną do komercjalizacji rozwiązań bioinformatycznych. Program obejmuje zarządzanie projektami technologiczno-badawczymi (metodyki Agile, Scrum w kontekście biotech), ochronę własności intelektualnej (patenty, tajemnica przedsiębiorstwa, licencje), regulacje dotyczące wyrobów medycznych oraz budowanie produktów bioinformatycznych (software, platformy SaaS, usługi analityczne).

Student poznaje specyfikę rynku biotechnologicznego, modele biznesowe firm biotech, procesy due diligence oraz źródła finansowania (granty, venture capital, programy akcelerycyjne). Program uwzględnia również aspekty regulacyjne: wymogi FDA/EMA dla oprogramowania medycznego, normy ISO dla laboratoriów oraz RODO w kontekście danych genomowych.

Absolwent specjalizacji jest przygotowany do ról menedżerskich i kierowniczych w sektorze biotech: project managera, product ownera, kierownika działu bioinformatyki, a także do zakładania własnych firm (spin-offy, startupy) komercjalizujących rozwiązania bioinformatyczne.

Lista przedmiotów

	Przedmiot	Godziny		I rok		II rok		pkt ECTS	Specjalizacje i ich przedmioty			Obieralne (2 z 4 w semestrze II oraz 2 z 4 w semestrze III)**
		w.	ćw.	zima	lato	zima	lato		A	B	C	
1	Wprowadzenie do programowania oraz przetwarzania danych	30	30	EZ				4	x	x	x	
2	Wprowadzenie do biologicznych zagadnień wykorzystywanych w bioinformatyce	30	30	EZ				5	x	x	x	
3	Linux i systemy kontroli wersji	30	30	EZ				4	x	x	x	
4	Programowanie w języku Python	30	30	EZ				5	x	x	x	
5	Matematyczne i statystyczne metody w bioinformatyce	30	30	Z				4	x	x	x	
6	Seminarium	30	-	Z				5	x	x	x	
7	Lektorat	-	30	Z				3	x	x	x	
SUMA ECTS								30				
1	Genomika i transkryptomika	30	30		EZ			4	x			x
2	Przetwarzanie danych NGS 1	30	30		Z			4	x			x
3	Bioinformatyka strukturalna białek	30	30		EZ			4		x		x
4	Proteomika obliczeniowa i adnotacja funkcjonalna białek	30	30		Z			4		x		x
5	Komercjalizacja technologii biomedycznych i bioinformatycznych	30	30		EZ			4			x	x

6	Własność intelektualna w bioinformatyce i biotechnologii	30	30		Z			4			x	x
7	Kontenery i środowiska uruchomieniowe	30	30		Z			3	x	x	x	
8	R: programowanie i analiza danych	30	30		EZ			3	x	x	x	
9	Seminarium***	30	-		Z			5	A	B	C	
10	Lektorat	-	30		Z			3	x	x	x	
SUMA ECTS								30****				
1	Przetwarzanie danych NGS 2	30	30		Z			5	x			x
2	Analiza ekspresji genów – RNA-seq i pokrewne	30	30		EZ			5	x			x
3	Interakcje białek i modelowanie kompleksów	30	30		EZ			5		x		x
4	Enzymologia i bioinformatyka białek wiążących	30	30		Z			5		x		x
5	Zarządzanie projektami technologiczno-badawczymi	30	30		EZ			5			x	x
6	Bioinformatyka jako produkt: software, platformy, usługi	30	30		Z			5			x	x
7	Seminarium***	30	-		Z			7	A	B	C	
8	Lektorat		30		Z			3	x	x	x	
SUMA ECTS								30****				
1	Rozwiązania klastrowe, chmurowe i Big Data	30	30			EZ		4	x	x	x	
2	Uczenie maszynowe i głębokie w bioinformatyce	30	30			EZ		4	x	x	x	
3	Zarządzanie procesami analizy danych	30	30			EZ		4	x	x	x	

4	Seminarium i złożenie pracy***	30	-				Z	15	A	B	C	
5	Lektorat		30				Z	3	x	x	x	
SUMA ECTS								30				

Łączna liczba pkt. ECTS uzyskiwana z przedmiotów obowiązkowych: **57**

Łączna liczba pkt. ECTS uzyskiwana z przedmiotów obieralnych: **63**

E - egzamin, Z - zaliczenie

*** SPECJALIZACJE - oznaczenia:**

- A. Bioinformatyka kwasów nukleinowych**
- B. Bioinformatyka strukturalna i proteomika**
- C. Bioinformatyka stosowana i transfer technologii**

**** przedmioty specjalizacyjne są obowiązkowe dla danej specjalizacji, pozostałe przedmioty spoza specjalizacji to obieralne dla danej osoby**

***** seminarium - każda specjalizacja oddzielnie**

****** 2 przedmioty specjalizacyjne, 2 przedmioty obieralne oraz pozostałe przedmioty obowiązkowe**