



Program studiów

Jednostka organizacyjna:	Medyczne Centrum Kształcenia Podyplomowego Collegium Medicum, Ośrodek ds. kształcenia podyplomowego na Wydziale Farmaceutycznym UJ CM
Kierunek:	Biofarmacja obliczeniowa
Poziom kształcenia:	podyplomowe
Forma kształcenia:	stacjonarne
Rok akademicki:	2024/25

Program

Klasyfikacja ISCED: 0916

Liczba semestrów: 2

Opis programu

Kierunek Biofarmacja obliczeniowa skierowany jest przede wszystkim do farmaceutów, biochemików, biotechnologów, bioinformatyków i innych osób z wykształceniem medycznym lub matematyczno-przyrodniczym, pracujących w sektorze biomedycznym. Kierunek przygotowuje do projektowania leków i kandydatów na leki w oparciu o metody modelowania poprzez realizację przedmiotów dotyczących podstaw programowania w językach Python i R, wykorzystywania środowisk programistycznych oraz zastosowania uczenia maszynowego w modelowaniu i analizie danych, matematycznego opisu układów dynamicznych, metod numerycznych i statystycznej analizy danych, a także modelowania farmakokinetycznego opartego o fizjologię, molekularnych i fizjologicznych podstaw tych metod dla ksenobiotyków, a także analizy i przewidywania kinetyki i farmakodynamiki leków i kandydatów na leki. W trakcie studiów uczestniczki i uczestnicy zapoznają się z wybranymi narzędziami (informatycznymi, numerycznymi, matematycznymi, statystycznymi) i technikami modelowania empirycznego i mechanistycznego w kontekście biofarmacji oraz ich zastosowaniami w różnych obszarach nauk biomedycznych i związanego z nimi przemysłu. Zakres tematyczny studiów obejmuje zarówno zagadnienia podstawowe, umożliwiające poznanie popularnych i użytecznych narzędzi, jak i zaawansowane treści rozszerzające, umożliwiające zastosowanie tych narzędzi i modelowania w codziennej pracy nad projektowaniem i rozwijaniem leków, modelowaniu farmakokinetycznym i farmakodynamicznym opartym na fizjologii oraz pracy z ksenobiotykami. Proces prowadzący do uzyskania kolejnych efektów obejmuje syntetyczne wprowadzenie w tematykę technik i narzędzi modelowania, modelowania empirycznego i mechanistycznego, po którym następują praktyczne ćwiczenia, utrwalające wprowadzone treści, rozszerzające je i łączące w spójną całość.

Studia realizowane są w ramach Projektu nr 2023/ABM/06/00004 pn. „Innowacje w edukacji i praktyce medycznej (InnoWMed) – Podnoszenie kompetencji kadr medycznych w zakresie edukacji, medycyny translacyjnej, technik obliczeniowych, technik wizualizacji 3D z elementami Sztucznej Inteligencji”, finansowanego przez Agencję Badań Medycznych w ramach konkursu nr ABM/2023/6 na opracowanie i realizację autorskiego programu studiów podyplomowych z zakresu nauk biomedycznych.

I edycja studiów będzie realizowana w roku akademickim 2024/2025, II edycja studiów w roku akademickim 2025/2026, III edycja w roku akademickim 2026/2027.

Liczba godzin i punktów ECTS konieczna do ukończenia studiów

Liczba godzin: 180

Liczba punktów ECTS: 30

Efekty uczenia się

(dla kwalifikacji cząstkowych uwzględniających charakterystyki drugiego stopnia PRK na poziomie 6, 7 albo 8 PRK określonych w rozporządzeniu 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).

Wszystkie efekty uczenia się określone w programie danych studiów podyplomowych powinny stanowić odniesienie do efektów z PRK na tym samym poziomie.

Wiedza

Treść	PRK
Uczestnik zna i rozumie składnię języków programowania Python i R	P7S_WK, P7S_WG
Uczestnik zna i rozumie wybrane funkcje i pakiety wykorzystywane przy programowaniu w języku Python i R, w szczególności z zakresu zagadnień medycyny i farmacji	P7S_WK, P7S_WG
Uczestnik zna i rozumie zasady korzystania ze środowiska chmurowego obsługującego środowiska Python i R	P7S_WK, P7S_WG
Uczestnik zna i rozumie wybrane algorytmy i techniki służące do budowania, przewidywania, analizy i testowania modeli sztucznej inteligencji, ze szczególnym uwzględnieniem projektowania i rozwoju nowych leków	P7S_WK, P7S_WG
Uczestnik zna i rozumie wybrane procesy służące zabezpieczeniu danych na etapie projektowania i budowania modeli sztucznej inteligencji	P7S_WK, P7S_WG
Uczestnik zna i rozumie etapy wdrażania nowych leków i substancji leczniczych oraz pozytywny wpływ, jaki wywiera na każdy z etapów rozwój metod sztucznej inteligencji	P7S_WK, P7S_WG
Uczestnik zna i rozumie aparat matematyczny służący do opisu, analizy statystycznej i modelowania dynamiki zjawisk biologicznych i procesów technologicznych związanych z badaniami nad lekiem	P7S_WK, P7S_WG
Uczestnik zna i rozumie wybrane aspekty analizy i interpretacji wyników badań farmakokinetycznych (zakres przedkliniczny i kliniczny) z użyciem specjalistycznego oprogramowania i narzędzi matematycznych	P7S_WK, P7S_WG
Uczestnik zna i rozumie molekularne i fizjologiczne podstawy procesów ADME dla ksenobiotyków	P7S_WK, P7S_WG
Uczestnik zna i rozumie techniki analizy i przewidywania kinetyki ksenobiotyków (ekstrapolacji in-vitro i in-vivo)	P7S_WK, P7S_WG
Uczestnik zna i rozumie sposoby tworzenia, rozwijania, parametryzacji i analizy modeli PBPK i QSP	P7S_WK, P7S_WG
Uczestnik zna i rozumie możliwości oraz ograniczenia stosowania modeli predykcyjnych w zakresie projektowania i rozwoju nowych leków/technologii	P7S_WK, P7S_WG

Umiejętności

Treść	PRK
Uczestnik potrafi przygotować środowisko programistyczne Python i R wraz z niezbędnymi do tego pakietami, w tym w szczególności posługiwać się narzędziami oprogramowania Posit Workbench	P7S_UK, P7S_UW
Uczestnik potrafi wczytać i przekształcić dane, które następnie zostaną poddane podstawowym procedurom analizy danych, w językach programowania Python i R	P7S_UK, P7S_UW
Uczestnik potrafi napisać wykonywalny kod notatnika w językach Python i R przy użyciu składni Markdown	P7S_UK, P7S_UW

Treść	PRK
Uczestnik potrafi zaprojektować i wykonać etapy analizy danych, budowania i testowania modelu sztucznej inteligencji, w szczególności w zagadnieniach związanych z rozwojem i projektowaniem nowych leków, przy użyciu narzędzi w językach programowania Python i R	P7S_UK, P7S_UW
Uczestnik potrafi zastosować podstawowe algorytmy sztucznej inteligencji w językach Python i R	P7S_UK, P7S_UW
Uczestnik potrafi krytycznie ocenić jakość uzyskanych modeli sztucznej inteligencji	P7S_UK, P7S_UW
Uczestnik potrafi zastosować podstawowe narzędzia do interpretacji i wyjaśnienia uzyskanych predykcji modeli sztucznej inteligencji	P7S_UK, P7S_UW
Uczestnik potrafi stworzyć, sparametryzować i rozwiązać numerycznie model PBPK, PK lub inny, opisujący wybrany proces fizjologiczny lub patologiczny	P7S_UK, P7S_UW
Uczestnik potrafi korzystać z baz danych wykorzystywanych w modelowaniu na różnych etapach prac nad lekiem	P7S_UK, P7S_UW
Uczestnik potrafi rozpoznawać i rozumieć specyfikę agencji regulatorowych, przemysłu i sektora badawczo-naukowego istotnych dla modelowania i proponować merytoryczne i etyczne rozwiązania użyteczne dla wszystkich uczestników procesu pracy nad lekiem	P7S_UK, P7S_UW
Uczestnik potrafi komunikować założenia modelu, jego strukturę i przewidywania	P7S_UK, P7S_UW

Kompetencje społeczne

Treść	PRK
Uczestnik jest gotów do ciągłego poszukiwania wiedzy oraz poznawania zmieniających się języków programowania Python i R	P7S_KO, P7S_KK
Uczestnik jest gotów do zastosowania swoich umiejętności w wielu obszarach medycyny i farmacji, jak również w innych dziedzinach wiedzy	P7S_KO, P7S_KK
Uczestnik jest gotów do przedstawienia raportów z eksperymentów numerycznych związanych z analizą danych, budowania i testowaniem modeli sztucznej inteligencji	P7S_KO, P7S_KK
Uczestnik jest gotów do oceny wpływu zbudowanych modeli sztucznej inteligencji na rozwój i projektowanie nowych leków	P7S_KO, P7S_KK
Uczestnik jest gotów do konsultacji projektów z innymi ekspertami zajmującymi się sztuczną inteligencją	P7S_KO, P7S_KK
Uczestnik jest gotów do kierowania się empatią i moralnością w rozwiązywaniu problemów związanych z projektowaniem i rozwojem nowych leków	P7S_KO, P7S_KK
Uczestnik jest gotów do łączenia podejścia eksperymentalnego, teoretycznego i zakorzenionego w praktyce wynikającej ze specyfiki sektora biomedycznego w pracy nad ilościowymi modelami PBPK, QSP i innymi, używanymi na różnych etapach pracy z lekiem	P7S_KO, P7S_KK