

Opis zajęć (syllabus)

Nazwa zajęć:	Biochemia proteomu	ECTS	2
Nazwa zajęć w j. angielskim:	Proteome biochemistry		
Zajęcia dla kierunku studiów:	Biotechnologia		

Język wykładowy: Polski		Poziom studiów: I	
Forma studiów: <input checked="" type="checkbox"/> stacjonarne <input type="checkbox"/> niestacjonarne	Status zajęć: <input checked="" type="checkbox"/> podstawowe <input type="checkbox"/> obowiązkowe <input type="checkbox"/> kierunkowe <input checked="" type="checkbox"/> do wyboru	Numer semestru: 3	<input checked="" type="checkbox"/> semestr zimowy <input type="checkbox"/> semestr letni
Rok akademicki, od którego obowiązuje opis (rocznik):		2022/2023	Numer katalogowy: BBT_BT-1S-3Z-26_4

Koordinator zajęć:	Dr Marek D. Koter			
Prowadzący zajęcia:	Pracownicy Katedry Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin: Dr Marek D. Koter			
Założenia, cele i opis zajęć:	<p>Celem przedmiotu jest zapoznanie studenta z ogólnymi informacjami dotyczącymi budowy białek, znaczenia proteomu w metabolizmie komórek i organizmów oraz zastosowań praktycznych w diagnostyce rolniczej i medycznej. Celem ćwiczeń jest zapoznanie z niektórymi metodami i technikami stosowanymi w proteomice na poziomie in vitro oraz in silico.</p> <p>Wykłady: Przypomnienie wiadomości na temat składu i budowy białek, różne struktury białkowe. Co to są domeny białkowe i przykłady funkcji białek. W jaki sposób wykrywa się białka, jak się ocenia ich stężenie i udział w interakcjach białko – białko. Co to jest spektrometria mass i jakie jest jej zastosowanie w proteomice zarówno jakościowej jak i ilościowej. Jaka jest funkcja potranslacyjnych modyfikacji białek i w jaki sposób można takie modyfikacje wykryć.</p> <p>Ćwiczenia: Rozdział białek na żelu poliakrylamidowym i ich (barwienie), wykrywanie interakcji białek metoda Y2H. Analiza sekwencji białek w kierunku wykrywania ich domen. Bioinformatyczna jakościowa i ilościowa analiza wyników wykrywania białek z zastosowaniem spektrometrii mass.</p>			
Formy dydaktyczne, liczba godzin:	a) Wykład; liczba godzin 15; b) Ćwiczenia laboratoryjne; liczba godzin 15;			
Metody dydaktyczne:	Wykład, dyskusja, ćwiczenia, konsultacje. Możliwości wykorzystywania kształcenia na odległość w przypadkach koniecznych (czytaj np. pandemia)			
Wymagania formalne i założenia wstępne:	Elementy biologii molekularnej, chemia organiczna			
Efekty uczenia się:	treść efektu przypisanego do zajęć:	Odniesienie do efektu kierunkowego	Siła dla ef. kier*	
Wiedza: (absolwent zna i rozumie)	W1	Absolwent zna i rozumie cechy różnych struktur budowy białek, podstawowe rodzaje modyfikacji potranslacyjnych	K_W 07 K_W 05 K_W 04	3 3 2
	W2	Absolwent zna i rozumie pojęcie proteomu, zasady interakcji między białkami.	K_W 07 K_W 05 K_W 04	3 3 2
Umiejętności: (absolwent potrafi)	U1	Absolwent potrafi wykonać rozdział białek za pomocą PAGE, badać interakcje pomiędzy białkami za pomocą drożdżowego systemu dwuhybrydowego	K_U 01 K_U 06	3 3
	U2	Absolwent potrafi wykonać samodzielną analizę wyników jakościowych i ilościowych analizy proteomu z zastosowaniem metod spektrometrii mass.	K_U 01 K_U 06 K_U 17	3 3 2
Kompetencje: (absolwent jest gotów do)	K1	Absolwent jest gotów do samodzielnego przeprowadzania eksperymentów proteomicznych i samodzielnej analizy ich wyników.	K_K 01	2
Treści programowe zapewniające uzyskanie efektów uczenia się:	Informacje a temat budowy i funkcji białek, możliwych modyfikacji potranslacyjnych, interakcji pomiędzy białkami oraz znajomość technik wykorzystywanych w proteomice.			
Sposób weryfikacji efektów uczenia się:	Egzamin z wykładów i kolokwium z ćwiczeń Możliwości wykorzystywania kształcenia na odległość w przypadkach koniecznych (czytaj np. pandemia)			
Szczegóły dotyczące sposobów weryfikacji i form dokumentacji osiągniętych efektów uczenia się:	Pisemny egzamin końcowy i pisemne kolokwium Możliwości wykorzystywania kształcenia na odległość w przypadkach koniecznych (czytaj np. pandemia)			

Elementy i wagi mające wpływ na ocenę końcową:	50% egzamin i 50% ćwiczenia
Miejsce realizacji zajęć:	Katedra Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin
Literatura podstawowa i uzupełniająca:	
1. Proteomika i metabolomika Redakcja: Agnieszka Kraj, Anna Drabik, Jerzy Silberring, Wydawnictwo Uniwersytetu Warszawskiego	
2. Introduction to Proteomics: Principles and Applications, Nawin C. Mishra, Günter Blobel, Wiley	
3. Principles of Proteomics, Richard Twyman, Garland Science	
4. Mass Spectrometry for the Novice, John Greaves and John Roboz, CRC Press	
UWAGI	

*) 3 – zaawansowany i szczegółowy, 2 – znaczący, 1 – podstawowy.

Wskaźniki ilościowe charakteryzujące moduł/przedmiot:

Szacunkowa sumaryczna liczba godzin pracy studenta (kontaktowych i pracy własnej) niezbędna dla osiągnięcia zakładanych dla zajęć efektów uczenia się - na tej podstawie należy wypełnić pole ECTS:	60h
Łączna liczba punktów ECTS, którą student uzyskuje na zajęciach wymagających bezpośredniego udziału nauczycieli akademickich lub innych osób prowadzących zajęcia:	1,2