|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
| Nazwa zajęć:  | Biochemia proteomu | **ECTS** | **2** |
| Tłumaczenie nazwy na j. angielski: | Proteome biochemistry |
| Zajęcia dla kierunku studiów: | **Biotechnologia** |
|  |  |
| Język wykładowy: | polski | Poziom studiów: I |  |
| Forma studiów:  | [x]  stacjonarne[ ]  niestacjonarne | Status zajęć: | [x]  podstawowe[x]  kierunkowe |  [ ]  obowiązkowe  [ ]  do wyboru | Numer semestru: 3 | [x]  semestr zimowy[ ]  semestr letni  |
|  |  | Rok akademicki, od którego obowiązuje opis (rocznik): | **2020/2021** | Numer katalogowy: | **OGR\_BT-1S-3Z-24\_5** |
|  |
| Koordynator zajęć: | Dr Marek D. Koter |
| Prowadzący zajęcia: | Pracownicy Katedry Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin: Dr Marek D. Koter |
| Jednostka realizująca: | Instytut Biologii, Katedra Genetyki,Hodowli i Biotechnologii Roślin |
| Jednostka zlecająca: | **Wydział Ogrodnictwa i Biotechnologii**  |
| Założenia, cele i opis zajęć: | 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*.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.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.  |
| Formy dydaktyczne, liczba godzin: | 1. ……Wykład………………………………………………………………………………; liczba godzin ..15.....;
2. ……Ćwieczenia…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: | Wiedza:W1 Absolwent zna i rozumie cechy różnych struktur budowy białek, podstawowe rodzaje modyfikacji potranslacyjnychW2 Absolwent zna i rozumie pojęcie proteomu, zasady interakcji między białkami. | Umiejętności:U1 Absolwent potrafi wykonać rozdział białek za pomocą PAGE, badać interakcje pomiedzy białkami za pomocą drożdżowego systemu dwuhybrydowegoU2 Absolwent potrafi wykonać samodzielną analizę wyników jakościowych i ilościowych analizy proteomu z zastosowaniem metod spektrometrii mass. | Kompetencje:K1 Absolwent jest gotów do samodzielnego przeprowadzania eksperymentów proteomicznych i samodzielnej analizy ich wyników.  |
| Sposób weryfikacji efektów uczenia się: | Egzamin z wykładów i kolokwium z ćwiczeń Możliwości wykorzystywania kształcenia na odległość w przypadkach koniecznych (czytaj np. pandemia)  |
| Forma dokumentacji osiągniętych efektów uczenia się: | Pisemny egzamin końcowy i pisemne kolokwiumMożliwości 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 |

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: | **56 h** |
| Łączna liczba punktów ECTS, którą student uzyskuje na zajęciach wymagających bezpośredniego udziału nauczycieli akademickich lub innych osób prowadzących zajęcia: | **1,5 ECTS** |

Tabela zgodności kierunkowych efektów kształcenia z efektami przedmiotu:

|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
| kategoria efektu | Efekty uczenia się dla zajęć: | Odniesienie do efektów dla programu studiów dla kierunku | Oddziaływanie zajęć na efekt kierunkowy\*) |
| Wiedza  | W1 Absolwent zna i rozumie cechy różnych struktur budowy białek, podstawowe rodzaje modyfikacji potranslacyjnychW2 Absolwent zna i rozumie pojęcie proteomu, zasady interakcji między białkami. | K\_W 05K\_W 07K\_W 04 | 332 |
| Umiejętności -  | U1 Absolwent potrafi wykonać rozdział białek za pomocą PAGE, badać interakcje pomiedzy białkami za pomocą drożdżowego systemu dwuhybrydowegoU2 Absolwent potrafi wykonać samodzielną analizę wyników jakościowych i ilościowych analizy proteomu z zastosowaniem metod spektrometrii mass. | K\_U 01K\_U 06K\_U 17 | 332 |
| Kompetencje -  | K1 Absolwent jest gotów do samodzielnego przeprowadzania eksperymentów proteomicznych i samodzielnej analizy ich wyników.  | K\_K 01 | 2 |

\*)

3 – znaczący i szczegółowy,

2 – częściowy,

1 – podstawowy,