

Karta przedmiotu

Nazwa i kod przedmiotu	Proteomika (Ćw. laboratoryjne), PG_00156242						
Kierunek studiów	Bioinformatyka (O)						
Data rozpoczęcia studiów	październik 2025 r.		Rok akademicki realizacji przedmiotu		2026/2027		
Poziom kształcenia	I stopnia - licencjackie		Grupa zajęć		Grupa zajęć fakultatywnych		
Forma studiów	stacjonarne		Sposób realizacji		na uczelni		
Rok studiów	2		Język wykładowy		polski		
Semestr studiów	4		Liczba punktów ECTS		3.0		
Profil kształcenia	ogólnoakademicki		Forma zaliczenia		zaliczenie		
Jednostka prowadząca	Rektor -> Międzyuczelniany Wydział Biotechnologii UG i GUMed						
Imię i nazwisko wykładowcy (wykładowców)	Odpowiedzialny za przedmiot		dr hab. Paulina Czaplewska				
	Prowadzący zajęcia z przedmiotu						
Formy zajęć	Forma zajęć	Wykład	Ćwiczenia	Laboratorium	Projekt	Seminarium	RAZEM
	Liczba godzin zajęć	0.0	0.0	30.0	0.0	0.0	30
	W tym liczba godzin zajęć na odległość: 0.0						
Aktywność studenta i liczba godzin pracy	Aktywność studenta	Udział w zajęciach dydaktycznych, objętych planem studiów		Udział w konsultacjach		Praca własna studenta	RAZEM
	Liczba godzin pracy studenta	30		0.0		45.0	75
Cel przedmiotu	• poznanie i przyswojenie podstawowych pojęć i terminologii stosowanej w spektrometrii mas (K_W04) • opanowanie wiedzy i umiejętności niezbędnych do samodzielnego przygotowania próbki oraz przeprowadzenia analizy proteomicznej peptydów i białek (K_W04, K_U04, K_U05) • zapoznanie z metodami i oprogramowaniem do identyfikacji białek na podstawie widm masowych typu ESI (K_W04, K_U0,4 K_U05, K_K01) • zapoznanie z analizą bioinformatyczną, a w tym analiza ilościowa, analiza funkcyjna graficzne przygotowanie danych proteomicznych (K_W43, K_U04, K_U05)						
Efekty uczenia się przedmiotu	Efekt kierunkowy		Efekt z przedmiotu		Sposób weryfikacji i oceny efektu		
	[BIOINL3_U05] Posiada umiejętność korzystania z informacji naukowej, w tym angielskojęzycznej, dotyczącej bioinformatyki; wykorzystuje źródła elektroniczne; posiada podstawową umiejętność korzystania z właściwych baz danych		Student umiejętnie korzysta z informacji naukowej, w tym anglojęzycznej, dotyczącej analiz bioinformatycznych; potrafi korzystać ze źródeł elektronicznych oraz właściwych baz danych (KU_05)		[SU3] opracowanie tekstowe/ praca pisemna		
	[BIOINL3_W04] Ma wiedzę w zakresie podstawowych technik i narzędzi badawczych stosowanych w bioinformatyce		Celem jest zapoznanie studenta z podstawami techniki i podstawowymi typami spektrometrów masowych stosowanych w analizach proteomicznych (KW_04)		[SW1] wypowiedź ustna/rozmowa/ dyskusja		
	[BIOINL3_U04] Efektywnie planuje i organizuje pracę samodzielną lub w ramach zespołu		Student efektywnie planuje i organizuje pracę samodzielną lub w ramach zespołu (KU_04)		[SU3] opracowanie tekstowe/ praca pisemna		

Treści przedmiotu	Wprowadzenie do spektrometrii mas, fizyczne podstawy pomiaru widma MS, aparatura i podstawy rejestracji widm MS. Analiza jakościowa i ilościowa w analizie proteomicznej z wykorzystaniem spektrometrii mas Metody przygotowania próbki do analizy MS, rejestracja i analiza widm peptydów i białek (ESI,MALDI) Analiza modyfikacji potranslacyjnych w MS Deplecja białek przed analizą MS, Trawienie w roztworze i trawienie w żelu Analiza danych MS: wykorzystanie widm fragmentacyjnych, dedykowanego oprogramowania specjalistycznego oraz białkowych baz danych do identyfikacji białek Analiza bioinformatyczna: przeprowadzanie analizy ilościowej z wykorzystaniem analizy statystycznej (test t-studneta, wyznaczenie wartości p ;ub q, okieslenie krotności zmian, wyznaczenie zmian istotnych statystycznie) Analiza funkcyjna: powiązanie białek o zmianach istotnych statystycznie ze związanymi z nimi pojęciami ontologicznymi genów (analiza GO), analiza KEGG oraz Reaktomu		
Wymagania wstępne i dodatkowe	Wymagane jest uzyskanie wiedzy, umiejętności i kompetencji realizowanych, określonych dla kursów: Chemia biorganiczna		
Sposoby i kryteria oceniania osiągniętych efektów uczenia się	Sposób oceniania (składowe)	Próg zaliczeniowy	Składowa oceny końcowej
	Projekt zaliczeniowy	51.0%	100.0%
Zalecana lista lektur	Podstawowa lista lektur A. Literatura wymagana do ostatecznego zaliczenia zajęć (zdania egzaminu): A.1. wykorzystywana podczas zajęć - Johnstone Robert A.W. I Malcolm E.Rose, Spektrometria mas, PWN 2001 - De Hoffmann, Edmond, Charette, Jean Joseph, Stroobant, Vincent, Spektrometria mas, Wydawnictwa Naukowo-Techniczne 1998 A.2. studiowana samodzielnie przez studenta - Najnowsza literatura z tematu proteomiki, prace przeglądowe dostarczone przez prowadzącego B. Literatura uzupełniająca K. Macur, J. Grzenkowicz-Wydra, L. Konieczna, J. Bigda, C. Temporini, S. Tengattini, T. Bączek, A (2018) ProteomicBased Approach to Study the Mechanism of Cytotoxicity Induced by Interleukin1 and Cycloheximide Chromatographia 81:4756 (doi.org/10.1007/s10337-017-3382-3) M. Rafalik, M. Spodzieja, A.S. Kołodziejczyk, S. Rodziejewicz-Motowidło, A. Szymańska, A. Grubb, P. Czaplewska (2018) The identification of discontinuous epitope in the human cystatin c monoclonal antibody hCC3 complex. Journal of Proteomics (doi.org/10.1016/j.jprot.2018.04.020) - M Prądzińska, I Behrendt, M Spodzieja, AS. Kołodziejczyk, S Rodziejewicz-Motowidło, A Szymańska, SL. Lundström, RA. Zubarev, K Macur, P Czaplewska (2016). Isolation and characterization of autoantibodies against human cystatin C. Amino Acids (DOI 10.1007/s00726-016-2271-7) - AE. Lewandowska, K. Macur, P. Czaplewska, J. Liss , K. Łukaszuk, S. Oldziej. (2017) Qualitative and Quantitative Analysis of Proteome and Peptidome of Human Follicular Fluid Using Multiple Samples from Single Donor with LC-MS and SWATH Methodology. J Proteome Research (DOI: 10.1021/acs.jproteome.7b00366)		

	Uzupełniająca lista lektur	Primers for Proteomics https://doi.org/10.1142/13595 May 2024 Pages: 250 Edited by: Paulina Czaplewska (University of Gdańsk, Poland & Medical University of Gdańsk, Poland), Katarzyna Macur (University of Gdańsk, Poland & Medical University of Gdańsk, Poland), and Paweł Ciborowski (University of Nebraska Medical Center, USA)
	Adresy eZasobów	
Przykładowe zagadnienia/ przykładowe pytania/ realizowane zadania	Identyfikacja białek na podstawie widm fragmetnacyjnych (w darmowych programach dostępnych online) Analiza statystyczna dla proteomiki w programie Perseus i R Tworzenie sieci oddziaływań (String server) i wizualizacja danych (Cytoscape) Analiza funkcyjna	
Praktyki zawodowe w ramach przedmiotu	Nie dotyczy	

Dokument wygenerowany elektronicznie. Nie wymaga pieczęci ani podpisu.