

Karta przedmiotu

Nazwa i kod przedmiotu	Proteomika (Ćw. laboratoryjne), PG_00156242						
Kierunek studiów	Bioinformatyka (O)						
Data rozpoczęcia studiów	październik 2026 r.	Rok akademicki realizacji przedmiotu			2027/2028		
Poziom kształcenia	I stopnia - licencjackie	Grupa zajęć			Grupa zajęć fakultatywnych Grupa zajęć powiązanych z prowadzonymi badaniami naukowymi w dziedzinie nauki związanej z kierunkiem - profil ogólnoakademicki		
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 Czapplewska				
	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	<ul style="list-style-type: none"> • 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_U04] Efektywnie planuje i organizuje pracę samodzielną oraz w ramach zespołu		Student efektywnie planuje i organizuje pracę samodzielną lub w ramach zespołu (KU_04)		[SU3] opracowanie tekstowe/praca pisemna		
	[BIOINL3_W04] Ma zaawansowaną wiedzę w zakresie 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/diskusja		
	[BIOINL3_U05] Posiada umiejętność korzystania z informacji naukowej, w tym angielskojęzycznej, dotyczącej bioinformatyki; wykorzystuje źródła elektroniczne; posiada umiejętność korzystania z właściwych baz danych		Student umiejętnie korzysta z informacji naukowej, w tym angielskojęzycznej, dotyczącej analiz bioinformatycznych; potrafi korzystać ze źródeł elektronicznych oraz właściwych baz danych (KU_05)		[SU3] opracowanie tekstowe/praca pisemna		

Treści przedmiotu	<p>Wprowadzenie do spektrometrii mas, fizyczne podstawy pomiaru widma MS, aparatura i podstawy rejestracji widm MS.</p> <p>Analiza jakościowa i ilościowa w analizie proteomicznej z wykorzystaniem spektrometrii mas</p> <p>Metody przygotowania próbki do analizy MS, rejestracja i analiza widm peptydów i białek (ESI,MALDI)</p> <p>Analiza modyfikacji potranslacyjnych w MS</p> <p>Deplecja białek przed analizą MS, Trawienie w roztworze i trawienie w żelu</p> <p>Analiza danych MS: wykorzystanie widm fragmentacyjnych, dedykowanego oprogramowania specjalistycznego oraz białkowych baz danych do identyfikacji białek</p> <p>Analiza bioinformatyczna: przeprowadzanie analizy ilościowej z wykorzystaniem analizy statystycznej (test t-studneta, wyznaczenie wartości p ;ub q, określenie krotności zmian, wyznaczenie zmian istotnych statystycznie)</p> <p>Analiza funkcyjna: powiązanie białek o zmianach istotnych statystycznie ze związanymi z nimi pojęciami ontologicznymi genów (analiza GO), analiza KEGG oraz Reaktomu</p>								
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	<table border="1"> <thead> <tr> <th>Sposób oceniania (składowe)</th> <th>Próg zaliczeniowy</th> <th>Składowa oceny końcowej</th> </tr> </thead> <tbody> <tr> <td>Projekt zaliczeniowy</td> <td>51.0%</td> <td>100.0%</td> </tr> </tbody> </table>	Sposób oceniania (składowe)	Próg zaliczeniowy	Składowa oceny końcowej	Projekt zaliczeniowy	51.0%	100.0%		
Sposób oceniania (składowe)	Próg zaliczeniowy	Składowa oceny końcowej							
Projekt zaliczeniowy	51.0%	100.0%							
Zalecana lista lektur	<p>Podstawowa lista lektur</p> <p>A. Literatura wymagana do ostatecznego zaliczenia zajęć (zdania egzaminu):</p> <p>A.1. wykorzystywana podczas zajęć</p> <ul style="list-style-type: none"> 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 <p>A.2. studiowana samodzielnie przez studenta</p> <ul style="list-style-type: none"> Najnowsza literatura z tematu proteomiki, prace przeglądowe dostarczone przez prowadzącego <p>B. Literatura uzupełniająca</p> <ul style="list-style-type: none"> K. Macur, J. Grzenkiewicz-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. Rodziejcz-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 Rodziejcz-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	<p>Identyfikacja białek na podstawie widm fragmentacyjnych (w darmowych programach dostępnych online)</p> <p>Analiza statystyczna dla proteomiki w programie Perseus i R</p> <p>Tworzenie sieci oddziaływań (String server) i wizualizacja danych (Cytoscape)</p> <p>Analiza funkcyjna</p>	
Praktyki zawodowe w ramach przedmiotu	Nie dotyczy	

Dokument wygenerowany elektronicznie. Nie wymaga pieczęci ani podpisu.