

SYLABUS

DOTYCZY CYKLU KSZTAŁCENIA 2021/2022-2022/2023

(skrajne daty)

Rok akademicki 2022/2023

1. PODSTAWOWE INFORMACJE O PRZEDMIOCIE

Nazwa przedmiotu	Analiza proteomu
Kod przedmiotu*	
Nazwa jednostki prowadzącej kierunek	Kolegium Nauk Przyrodniczych
Nazwa jednostki realizującej przedmiot	Instytut Biologii i Biotechnologii
Kierunek studiów	Biologia
Poziom studiów	II stopnia
Profil	ogólnoakademicki
Forma studiów	stacjonarne
Rok i semestr/y studiów	rok II, semestr 3
Rodzaj przedmiotu	specjalnościowy do wyboru II
Język wykładowy	j. polski
Koordinator	dr hab. Yuriy Rebest
Imię i nazwisko osoby prowadzącej / osób prowadzących	dr hab. Yuriy Rebest

* -opcjonalnie, zgodnie z ustaleniami w Jednostce

1.1. Formy zajęć dydaktycznych, wymiar godzin i punktów ECTS

Semestr (nr)	Wykł.	Ćw.	Konw.	Lab.	Sem.	ZP	Prakt.	Inne (jakie?)	Liczba pkt. ECTS
3	28								2

1.2. Sposób realizacji zajęć

- zajęcia w formie tradycyjnej
- zajęcia realizowane z wykorzystaniem metod i technik kształcenia na odległość

1.3 Forma zaliczenia przedmiotu (z toku)

ZALICZENIE Z OCENĄ

2. WYMAGANIA WSTĘPNE

Znajomość w zakresie: biochemia komórki, biologia komórki; techniki laboratoryjne w badaniach biologicznych, znajomość j. angielskiego w stopniu umożliwiającym studiowanie literatury przedmiotu

3. CELE, EFEKTY UCZENIA SIĘ, TREŚCI PROGRAMOWE I STOSOWANE METODY DYDAKTYCZNE

3.1 Cele przedmiotu

C1	Poznanie technik i metod biologii molekularnej umożliwiających izolowanie, oczyszczanie oraz analizę proteomu z uwzględnieniem sposobu rozdziału i identyfikacji białek
----	---

3.2 Efekty uczenia się dla przedmiotu

EK (efekt uczenia się)	Treść efektu uczenia się zdefiniowanego dla przedmiotu	Odniesienie do efektów kierunkowych ¹
EK_01	Student opisuje budowę i właściwości białek oraz wynikające z nich możliwości analizy proteomu	K_Wo1
EK_02	Student zna techniki i metody izolowania, oczyszczania i analizy proteomu, a w szczególności sposoby rozdziału i identyfikacji białek	K_Wo1
EK_03	Student prawidłowo dobiera metody badawcze stosowane do izolowania, oczyszczania i analizy proteomu oraz potrafi posługiwać się specjalistyczną aparaturą badawczą stosowaną w proteomice z zachowaniem zasad bezpieczeństwa i higieny pracy	K_Uo1
EK_04	Student potrafi zaprojektować schemat analizy proteomicznej ze względu na rodzaj i pochodzenie materiału biologicznego	K_Uo4
EK_05	Student ma świadomość potrzeby systematycznego zapoznawania się z czasopismami naukowymi i innymi zasobami informacji z zakresu proteomiki, w celu pogłębiania i poszerzania wiedzy	K_Ko1

3.3 Treści programowe

A. Problematyka wykładu

Treści merytoryczne
Wprowadzenie do proteomiki. Definicja proteomu. Krótki przegląd historyczny. Przegląd zastosowania proteomiki.
Struktura białka (pierwszorzędowa, drugorzędowa, trzeciorzędowa, czwartorzędowa, modyfikacje). Ekspresja genów i wyzwania proteomiczne (transkrypcja i translacja, potranskrypcyjne dojrzewanie RNA, splicing, alternatywny splicing, dojrzewanie i modyfikacje białek, ekspresja genów).

¹ W przypadku ścieżki kształcenia prowadzącej do uzyskania kwalifikacji nauczycielskich uwzględnić również efekty uczenia się ze standardów kształcenia przygotowującego do wykonywania zawodu nauczyciela.

Omics. Genomika i proteomika (sekwencjonowanie genomu, adnotacja, bazy danych, sekwencje gen-białko).
Metody prre-proteomiczne (enzymatyczne, klasyczne metody kwantyfikacji, masa cząsteczkowa determinacja itp.)
Metody proteomiki – rozdział białek (PAGE, 2D PAGE, PAGE różnicowy, chromatografia).
Metody proteomiki – identyfikacja białek (immunologiczna, degradacja Edmana, peptyd synteza).
Metody proteomiki – spektrometria mas. Kwantyfikacja białek w proteomice.
Metody proteomiki – identyfikacja trójwymiarowej struktury białka.
Modelowanie. Modelowanie i wizualizacja struktury białka. Dokowanie molekularne i dynamika molekularna.
Proteomiczna modyfikacji białek.
Proteomika i oddziaływania białko-DNA i białko-białko. Badania lokalizacji białek.
Oczyszczanie białek. Inżynieria białek.
Zastosowanie proteomiki. Zdrowie i choroby człowieka.
Zastosowanie proteomiki. Biotechnologia.

3.4 Metody dydaktyczne

Wykład: wykład z prezentacją multimedialną

4. METODY I KRYTERIA OCENY

4.1 Sposoby weryfikacji efektów uczenia się

Symbol efektu	Metody oceny efektów uczenia się (np.: kolokwium, egzamin ustny, egzamin pisemny, projekt, sprawozdanie, obserwacja w trakcie zajęć)	Forma zajęć dydaktycznych (w, ćw, ...)
EK_01 – 05	Obserwacja w trakcie zajęć, praca zaliczeniowa	w

4.2 Warunki zaliczenia przedmiotu (kryteria oceniania)

Wykłady- zaliczenie z oceną *

*O ocenie pozytywnej decyduje liczba uzyskanych punktów (>50% maksymalnej liczby punktów): dst 51%, dst plus 65 %, db 75%, db plus 90%, bd 100%.

WARUNKIEM ZALICZENIA PRZEDMIOTU JEST OSIĄGNIĘCIE WSZYSTKICH ZAŁOŻONYCH EFEKTÓW UCZENIA SIĘ.

5. CAŁKOWITY NAKŁAD PRACY STUDENTA POTRZEBNY DO OSIĄGNIĘCIA ZAŁOŻONYCH EFEKTÓW W GODZINACH ORAZ PUNKTACH ECTS

Forma aktywności	Średnia liczba godzin na zrealizowanie aktywności
Godziny kontaktowe wynikające z harmonogramu studiów	28

Inne z udziałem nauczyciela akademickiego (udział w konsultacjach, egzaminie)	12
Godziny niekontaktowe – praca własna studenta (przygotowanie do zajęć, egzaminu, napisanie referatu itp.)	20
SUMA GODZIN	60
SUMARYCZNA LICZBA PUNKTÓW ECTS	2

* Należy uwzględnić, że 1 pkt ECTS odpowiada 25-30 godzin całkowitego nakładu pracy studenta.

6. PRAKTYKI ZAWODOWE W RAMACH PRZEDMIOTU

wymiar godzinowy	-
zasady i formy odbywania praktyk	-

7. LITERATURA

<p>Literatura podstawowa:</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. Kraj, A., Silberring J., red. Proteomika. Praca zbiorowa, Wyd. Wydział Chemii Uniwersytetu Jagiellońskiego, 2004 2. Kraj, A., Drabik A., Silberring J. (red. nauk.) Proteomika i metabolomika. Praca zbiorowa, Wyd. Uniwersytetu Warszawskiego, Warszawa 2010 3. Liebler, D. C. Introduction to Proteomics: Tools for the New Biology. Humana Press, 2002
<p>Literatura uzupełniająca:</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. Skrzypczak W.F., Proteomika. Wybrane zagadnienia., Wydawnictwo Zapol, Szczecin, 2011 2. Pennington S. Proteomics: From Protein Sequence to Function. Dunn M. J. (Ed.) Springer-Verlag New York, Inc., 2000. 3. Marshak, D.R., Kadonaga J.T., Burgess R.R., Knuth M.W., Breenan Jr. W.A., Lin S.-H. Strategies for protein purification and characterization. A laboratory course manual. Cold Spring Harbor Lab. Press, 1996. 4. Rebets Y, Brötz E, Tokovenko B, Luzhetskyy A. Actinomycetes biosynthetic potential: how to bridge in silico and in vivo? J Ind Microbiol Biotechnol. 2014 Feb;41(2):387-402. doi: 10.1007/s10295-013-1352-9 5. Gummerlich N, Rebets Y, Paulus C, Zapp J, Luzhetskyy A. Targeted Genome Mining-From Compound Discovery to Biosynthetic Pathway Elucidation. Microorganisms. 2020 Dec 19;8(12):2034. doi: 10.3390/microorganisms8122034. 6. Rebets Y, Schmelz S, Gromyko O, Tistechok S, Petzke L, Scrima A, Luzhetskyy A. Design, development and application of whole-cell based antibiotic-specific biosensor. Metab Eng. 2018 May;47:263-270. doi: 10.1016/j.ymben.2018.03.019.

Akceptacja Kierownika Jednostki lub osoby upoważnionej

SYLLABUS

REGARDING THE QUALIFICATION CYCLE 2021/2022 - 2022/2023

Academic year 2022/2023

1. BASIC INFORMATION ABOUT THE SUBJECT

Course/Module title	Proteome analysis
Course/Module code *	
Faculty (name of the unit offering the field of study)	College of Natural Sciences
Name of the unit running the course	Institute of Biology and Biotechnology
Field of study	Biology
Qualification level	II degree
Profile	general academic
Study mode	stationary
Year and semester of studies	year II nd , sem. 3 rd
Course type	specialized course
Language of instruction	English
Coordinator	dr hab. Yuriy Rebest
Course instructor	dr hab. Yuriy Rebest

* - optional, as agreed in the Unit

1.1. Learning format – number of hours and ECTS credits

Semester (no.)	Lectures	Classes	Colloquia	Lab classes	Seminars	Practical classes	Internships	Others	ECTS credits
3 rd	28								2

1.2. Course delivery methods

- conducted in a traditional way

- classes carried out with the use of distance learning methods and techniques

1.3. Course/Module assessment

PASS WITH A GRADE

2. PREREQUISITES

Good communication in English; knowledge of the cell biology, cell biochemistry and biology lab techniques

3. OBJECTIVES, LEARNING OUTCOMES, COURSE CONTENT, AND INSTRUCTIONAL METHODS

3.1. Course/Module objectives

O1	Learning the techniques and methods of molecular biology enabling the isolation, purification and analysis of the proteome, including the method of separation and identification of proteins
----	---

3.2. Course/Module Learning Outcomes

Learning Outcome	The description of the learning outcome defined for the course/module	Relation to the degree programme outcomes
LO_01	The student knows the structure and properties of proteins.	K_W01
LO_02	The student knows the techniques and methods of proteome isolation, purification and analysis.	K_W01
LO_03	The student correctly selects the methods used for the isolation, purification and analysis of the proteome.	K_U01
LO_04	The student designs a scheme of proteomic analysis due to the type and origin of biological material	K_U04
LO_05	The student is ready to systematically update and popularize knowledge in the field of proteomics.	K_K01

3.3 Course content

A. Issues of lectures

Content outline
Introduction to proteomics. Proteome definition. A brief historical overview. An overview of the application of proteomics.
Protein structure (primary, secondary, tertiary, quaternary, modifications). Gene expression and proteomic challenges (transcription and translation, post-transcriptional RNA maturation, splicing, alternative splicing, protein maturation and modifications, gene expression).
Omics. Genomics and proteomics (genome sequencing, annotation, databases, gene-protein sequences).
Pre-proteomic methods (enzymatic, classical methods of quantification, molecular weight determination, etc.)
Proteomics methods: separation of proteins (PAGE, 2D PAGE, differential PAGE, chromatography).
Proteomics methods: identification of proteins (immunological, Edman degradation, peptide synthesis).
Proteomics methods: mass spectrometry. Protein quantification in proteomics.
Proteomics methods: identification of the 3D structure of a protein.
Modeling and visualization of protein structure. Molecular docking and molecular dynamics.
Proteomic modification of proteins.
Proteomics and protein-DNA and protein-protein interactions. Protein localization studies.
Protein purification. Protein engineering.
Application of proteomics: Human health and diseases.
Application of proteomics: Biotechnology.

3.4. Methods of Instruction

Multimedia presentation

4. Assessment techniques and criteria

4.1 Methods of evaluating learning outcomes

Learning outcome	Methods of assessment of learning outcomes (e.g. test, oral exam, written exam, project, report, observation during classes)	Learning format (lectures, classes,...)
LO_01- LO_05	Observation during classes, written test	LECTURES

4.2 Course assessment criteria

Lectures: assessment based on written test*

* bdb 91-100%, db plus 81-90%, db 71-80%, dst plus 61-70%, dst 51-61%, ndst 0-50%

The condition of graduating the course is the achievement of all assumed educational effects.

5. Total student workload needed to achieve the intended learning outcomes – number of hours and ECTS credits

Activity	Average number of hours to complete the activity
Scheduled course contact hours	28
Other contact hours involving the teacher (consultation hours, examinations)	12
Non-contact hours - student's own work (preparation for classes or examinations, projects, etc.)	20
Total number of hours	60
Total number of ECTS credits	2

6. Internships related to the course/module

Number of hours	-
Internship regulations and procedures	-

7. Instructional materials

Compulsory literature:

4. Kraj, A., Silberring J., red. Proteomika. Praca zbiorowa, Wyd. Wydział Chemii Uniwersytetu Jagiellońskiego, 2004
5. Kraj, A., Drabik A., Silberring J. (red. nauk.) Proteomika i metabolomika. Praca zbiorowa, Wyd. Uniwersytetu Warszawskiego, Warszawa 2010
6. Liebler, D. C. Introduction to Proteomics: Tools for the New Biology. Humana Press, 2002

Complementary literature:

7. Skrzypczak W.F., Proteomika. Wybrane zagadnienia., Wydawnictwo Zapol, Szczecin, 2011
8. Pennington S. Proteomics: From Protein Sequence to Function. Dunn M. J. (Ed.) Springer-Verlag New York, Inc., 2000.
9. Marshak, D.R., Kadonaga J.T., Burgess R.R., Knuth M.W., Breenan Jr. W.A., Lin S.-H. Strategies for protein purification and characterization. A laboratory course manual. Cold Spring Harbor Lab. Press, 1996.
10. Rebets Y, Brötz E, Tokovenko B, Luzhetskyy A. Actinomycetes biosynthetic potential: how to bridge in silico and in vivo? J Ind Microbiol Biotechnol. 2014 Feb;41(2):387-402. doi: 10.1007/s10295-013-1352-9
11. Gummerlich N, Rebets Y, Paulus C, Zapp J, Luzhetskyy A. Targeted Genome Mining-From Compound Discovery to Biosynthetic Pathway Elucidation. Microorganisms. 2020 Dec 19;8(12):2034. doi: 10.3390/microorganisms8122034.
12. Rebets Y, Schmelz S, Gromyko O, Tistechok S, Petzke L, Scrima A, Luzhetskyy A. Design, development and application of whole-cell based antibiotic-specific biosensor. Metab Eng. 2018 May;47:263-270. doi: 10.1016/j.ymben.2018.03.019.

Approved by the Head of the Department or an authorised person