

Karta przedmiotu

Nazwa i kod przedmiotu	Spektrometria mas w proteomice , PG_00153633						
Kierunek studiów	Biotechnologia (O)						
Data rozpoczęcia studiów	październik 2024 r.	Rok akademicki realizacji przedmiotu			2024/2025		
Poziom kształcenia	II stopnia	Grupa zajęć					
Forma studiów	stacjonarne	Sposób realizacji			na uczelni		
Rok studiów	1	Język wykładowy			angielski		
Semestr studiów	2	Liczba punktów ECTS			2.0		
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		dr hab. Paulina Czaplewska				
Formy zajęć	Forma zajęć	Wykład	Ćwiczenia	Laboratorium	Projekt	Seminarium	RAZEM
	Liczba godzin zajęć	10.0	0.0	20.0	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		5.0		15.0	50
Cel przedmiotu	<ul style="list-style-type: none"> • poznanie i przyswojenie podstawowych pojęć i terminologii stosowanej w spektrometrii mas (K_W01, K_W04) • opanowanie wiedzy i umiejętności niezbędnych do samodzielnego przygotowania próbki oraz przeprowadzenia analizy proteomicznej peptydów i białek (K_W01, K_W04, K_U01, K_U05, K_K05) • zapoznanie z metodami identyfikacji peptydów i białek na podstawie widm masowych typu ESI i MALDI (K_W05, K_U05, K_K05) • zapoznanie z analizą widm fragmentacyjnych peptydów (K_W01, K_U05, K_K01) 						

Efekty uczenia się przedmiotu	<p>Effekt kierunkowy</p> <p>[BIOTECHMU2_U04] Posiada umiejętność biegłego korzystania z informacji naukowej, w tym angielskojęzycznej, dotyczącej biotechnologii; krytycznie analizuje i selekcjonuje informacje; wykorzystuje źródła elektroniczne; posiada umiejętność korzystania z właściwych baz danych</p>	<p>Effekt z przedmiotu</p> <p>Posiada umiejętności niezbędne do pracy laboratoryjnej; potrafi zaplanować wykonanie eksperymentu i przeprowadzić eksperyment; samodzielnie dokumentuje czynności i wyniki; w pracy laboratoryjnej stosuje pod kierunkiem opiekuna złożone techniki i narzędzia badawcze; posiada umiejętność obsługi urządzeń laboratoryjnych (K_U01) Zbiera i interpretuje dane empiryczne; w analizie danych stosuje metody statystyczne i narzędzia informatyczne; formułuje wnioski w oparciu o dane empiryczne (K_U05).</p>	<p>Sposób weryfikacji i oceny efektu</p> <p>[SU2] prezentacja/projekt/referat/raport</p>
	<p>[BIOTECHMU2_U01] Posiada umiejętności niezbędne do pracy laboratoryjnej; potrafi zaplanować i przeprowadzić eksperyment; dokumentuje czynności i wyniki; w pracy laboratoryjnej stosuje pod kierunkiem opiekuna złożone techniki i narzędzia badawcze; posiada umiejętność obsługi urządzeń laboratoryjnych; stosuje zasady bezpieczeństwa i higieny pracy; rozumie zagrożenia, jakie niesie praca w laboratorium</p>	<p>Ma świadomość ważności zasad bezpieczeństwa pracy w szczególności pracy w laboratorium; stosuje zasady bezpieczeństwa pracy; jest odpowiedzialny za bezpieczeństwo swoje i innych; potrafi postępować w zagrożeniach (K_K05).</p>	<p>[SU8] obserwacja samodzielnej lub zespołowej pracy studenta</p>
	<p>[BIOTECHMU2_W05] Posiada wiedzę w zakresie metod stosowanych w dziedzinie nauk ścisłych i przyrodniczych niezbędną dla zrozumienia zjawisk i procesów biologicznych na poziomie molekularnym</p>	<p>Rozumie złożone zjawiska biologiczne na poziomie molekularnym zna ich znaczenie dla biotechnologii i powiązania z innymi dziedzinami i dyscyplinami nauki (K_W01) Zna podstawowe zasady bezpieczeństwa i higieny pracy; rozumie zagrożenia jakie niesie praca w laboratorium; zna zagrożenia związane z prowadzeniem badań laboratoryjnych; zna zagrożenia pracy z organizmami patogennymi i GMO (K_W04)</p>	<p>[SW1] wypowiedź ustna/rozmowa/diskusja</p>
Treści przedmiotu	<ul style="list-style-type: none"> 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 z wykorzystaniem widm MS oraz białkowych baz danych. 		
Wymagania wstępne i dodatkowe	<p>Brak wymagań formalnych.</p> <p>Wymagania wstępne: Wymagane jest uzyskanie wiedzy, umiejętności i kompetencji realizowanych określonych dla kursów: Biochemia (wykład), Chemia organiczna (wykład).</p>		
Sposoby i kryteria oceniania osiągniętych efektów uczenia się	Sposób oceniania (składowe)	Próg zaliczeniowy	Składowa oceny końcowej
	Projekt zaliczeniowy	51.0%	75.0%
	Sprawozdanie z zajęć laboraotryjnych	51.0%	25.0%
Zalecana lista lektur	Podstawowa lista lektur	<p>Johnstone Robert A.W. I Malcolm E.Rose, Spektrometria mas, PWN 2001</p> <p>De Hoffmann, Edmond, Charette, Jean Joseph, Stroobant, Vincent, Spektrometria mas, Wydawnictwa Naukowo-Techniczne 1998</p>	

	Uzupełniająca lista lektur	<p>K. Macur, J. GrzenkowiczWydra, 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)</p> <p>M. Rafalik, M. Spodzieja, A.S. Kołodziejczyk, S. Rodziewicz-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)</p> <p>M Prądzińska, I Behrendt, M Spodzieja, AS. Kołodziejczyk, S Rodziewicz-Motowidło, A Szymańska, SL. Lundström, RA. Zubarev, K Macur, P Czaplewska (2016). <i>Isolation and characterization of autoantibodies against human cystatin C</i>. Amino Acids (DOI 10.1007/s00726-016-2271-7)</p> <p>AE. Lewandowska, K. Macur, P. Czaplewska, J. Liss , K. Łukaszuk, S. Ołdziej. (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)</p> <p>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)</p>
	Adresy eZasobów	Adresy na platformie eNauczanie:
Przykładowe zagadnienia/ przykładowe pytania/ realizowane zadania		
Praktyki zawodowe w ramach przedmiotu	Nie dotyczy	

Dokument wygenerowany elektronicznie. Nie wymaga pieczęci ani podpisu.