



KARTA OPISU PRZEDMIOTU - SYLABUS

Nazwa przedmiotu

Proteomika [S1Bioinf1>PROT]

Przedmiot

Kierunek studiów

Bioinformatyka

Rok/Semestr

3/5

Studia w zakresie (specjalność)

–

Profil studiów

ogólnoakademicki

Poziom studiów

pierwszego stopnia

Język oferowanego przedmiotu

polski

Forma studiów

stacjonarne

Wymagalność

obligatoryjny

Liczba godzin

Wykład

0

Laboratorium

0

Inne

0

Ćwiczenia

30

Projekty/seminaria

0

Liczba punktów ECTS

2,00

Koordynatorzy

Łukasz Marczak

Wykładowcy

Wymagania wstępne

Student rozpoczynający ten moduł powinien posiadać podstawową wiedzę o roli białek w organizmach. Powinien posiadać umiejętność rozwiązywania podstawowych problemów dotyczących próżni oraz fizyki powstawania i rozdziału jonów.

Cel przedmiotu

1. Przekazanie studentom podstawowej wiedzy o analizie jakościowej (identyfikacji), ilościowej białek oraz możliwościach ich profilowania. 2. Zapoznanie studentów z metodami analitycznymi stosowanymi do rozdziału i identyfikacji białek – spektrometria mas. 3. Rozwinięcie u studentów umiejętności korelacji danych z poziomu molekularnego opisującego białka z danymi uzyskiwanymi na innych poziomach, na przykład: transkryptom i metabolom. 4. Wykształcenie u studentów świadomości o konieczności wykorzystania metod statystycznych oraz informatycznych do interpretacji uzyskiwanych danych analitycznych. 5. Zapoznanie z praktycznym wykorzystaniem różnych technik spektrometrii mas do analizy białek.

Przedmiotowe efekty uczenia się

Wiedza:

W wyniku przeprowadzonych zajęć student:

- rozumie podstawowe zjawiska i procesy biologiczne z zakresu badań białek, a ich interpretację opiera na podstawach empirycznych, wykorzystując metody matematyczne, w tym statystyczne,
- zna budowę i właściwości podstawowych typów makrocząstek biologicznych i ich elementów składowych,
- zna podstawy biochemiczne głównych szlaków metabolicznych,
- zna wybrane metody i techniki stosowane w badaniach białek, w tym metody wykorzystujące technologie wysokoprzepustowe,
- zna podejścia do analizy strukturalnej biopolimerów.

Umiejętności:

W wyniku przeprowadzonych zajęć student:

- potrafi integrować uzyskane informacje na poziomie proteomu i metabolomu, a także wyciągać wnioski oraz formułować i uzasadniać swoje opinie w zakresie oddziaływań pomiędzy białkami oraz metabolitami,
- wykonuje proste pomiary i doświadczenia laboratoryjne z zakresu technik analiz proteomicznych i metabolomicznych, potrafi zinterpretować ich wyniki,
- stosuje metody analityczne do ilościowego i jakościowego oznaczania białek, ocenia ich przydatność,
- dostrzega systemowe i pozatechniczne aspekty podejmowanych zadań bioinformatycznych.

Kompetencje społeczne:

W wyniku przeprowadzonych zajęć student:

- rozumie potrzebę uczenia się przez całe życie i podnoszenia swoich kompetencji,
- potrafi współdziałać i pracować w grupie, przyjmując w niej różne role.

Metody weryfikacji efektów uczenia się i kryteria oceny

Efekty uczenia się przedstawione wyżej weryfikowane są w następujący sposób:

Ocena wiadomości i umiejętności związanych z wykonaniem oraz interpretacją analiz metodami MS i elektroforezy, weryfikacja zdobytej wiedzy poprzez kolokwium – test wyboru. Kolokwium odbędzie się po zapoznaniu studentów z zasadami pracy na spektrometrze masowym oraz regułami interpretacji zarejestrowanych widm masowych. Ocenianie na kolejnych zajęciach odpowiedzi ustnych – premiowanie przyrostu umiejętności posługiwania się poznanymi zagadnieniami. Zestawienie ocen wystawionych w trakcie semestru w średniej ważonej: udział w dyskusji o przekazanej wiedzy na poprzednich zajęciach 20% oceny, wynik uzyskany na kolokwium po części zajęć 25%, kolokwium końcowe w formie pisemnej, test wyboru 55%.

Treści programowe

Program ćwiczeń obejmuje następujące zagadnienia.

1. Techniki spektrometrii mas stosowane do analizy biopolimerów (peptydy, białka, kwasy nukleinowe) w materiale biologicznym (6 godzin):
 - Metody jonizacji wykorzystywane do analizy próbek
 - Metody łączenia technik chromatograficznych ze spektrometrami mas wykorzystywane do analizy mieszanin (chromatografia gazowa i cieczowa, elektroforeza kapilarna)
 - Tandemowa spektrometria mas z kolizyjnie indukowaną fragmentacją (CID MS/MS lub MSⁿ) – w badaniach proteomicznych i metabolomicznych)
2. Zastosowania desorbcyjnych metod jonizacji (ESI, APCI, Maldi) z wykorzystaniem tandemowej spektrometrii mas do analizy strukturalnej biopolimerów (cukry, białka, kwasy nukleinowe) (7 godzin):
 - Bottom-up proteomics – zastosowania elektroforezy 2D oraz spektrometrii mas do analizy proteomicznej (LC/MS i LC/MS/MS lub 2D LC/MS/MS)
 - Shotgun proteomics – metody identyfikacji białek z wykorzystaniem systemów 2D LC/MS/MS
 - Top-down proteomics – identyfikacja białek przy zastosowaniach ultra wysokiej rozdzielczości analizatorów MS oparta na weryfikacji mas cząsteczkowych białek i dalej zastosowaniach technik MS/MS do analizy sekwencji otrzymywanych fragmentów
 - Analiza ilościowa białek – ICAT, SILAC, iTRAQ i katalizowane trypsyną znaczenie tlenem 18O
 - Analiza profili metabolitów pierwotnych i wtórnych metodami spektrometrii mas
3. Przykłady praktycznych zastosowań technik spektrometrii mas do identyfikacji i badań nad rolą i funkcją produktów naturalnych oraz biopolimerów (głównie białek). Zastosowanie bezpośredniego wprowadzania próbek lub wykorzystanie połączeń technik separacyjnych. Profilowanie metabolitów pierwotnych i wtórnych w próbkach materiału biologicznego. (7 godzin):

- Określanie funkcji białek z wykorzystaniem technik MS
- Analiza oddziaływań białek przy pomocy technik MS
- Poszukiwanie biomarkerów chorób przy wykorzystaniu technik MS
- Diagnozowanie chorób genetycznych metodą profilowania płynów fizjologicznych przy wykorzystaniu metod GC/MS i LC/MS
- Możliwości zastosowań technik MS podczas realizacji projektów badawczych z zakresu biotechnologii

Dodatkowo cztery dwu-i-półgodzinne zajęcia odbywają się w laboratorium spektrometrii mas. Pierwsze zajęcia przeznaczone są na zapoznanie studentów z wykorzystaniem spektrometrów mas do analiz proteomicznych. Pozostałe realizowane są z wykorzystaniem spektrometrów mas przystosowanych do analiz metabolomicznych. Ćwiczenia realizowane są przez siedmioosobowe zespoły studentów. Program ćwiczeń w laboratorium obejmuje następujące zagadnienia: przygotowanie materiału biologicznego do analiz metodami elektroforezy 2D, wykonanie elektroforetogramów, trawienie białek oraz analizę próbek metodami MS. W drugiej części ćwiczeń wykonane zostaną analizy metabolomiczne materiału biologicznego metodami GC/MS.

Tematyka zajęć

Program ćwiczeń obejmuje następujące zagadnienia.

1. Techniki spektrometrii mas stosowane do analizy biopolimerów (peptydy, białka, kwasy nukleinowe) w materiale biologicznym (6 godzin):
 - Metody jonizacji wykorzystywane do analizy próbek
 - Metody łączenia technik chromatograficznych ze spektrometrami mas wykorzystywane do analizy mieszanin (chromatografia gazowa i cieczowa, elektroforeza kapilarna)
 - Tandemowa spektrometria mas z kolizyjnie indukowaną fragmentacją (CID MS/MS lub MSⁿ) – w badaniach proteomicznych i metabolomicznych)
2. Zastosowania desorbcyjnych metod jonizacji (ESI, APCI, Maldi) z wykorzystaniem tandemowej spektrometrii mas do analizy strukturalnej biopolimerów (cukry, białka, kwasy nukleinowe) (7 godzin):
 - Bottom-up proteomics – zastosowania elektroforezy 2D oraz spektrometrii mas do analizy proteomicznej (LC/MS i LC/MS/MS lub 2D LC/MS/MS)
 - Shotgun proteomics – metody identyfikacji białek z wykorzystaniem systemów 2D LC/MS/MS
 - Top-down proteomics – identyfikacja białek przy zastosowaniach ultra wysokiej rozdzielczości analizatorów MS oparta na weryfikacji mas cząsteczkowych białek i dalej zastosowaniach technik MS/MS do analizy sekwencji otrzymywanych fragmentów
 - Analiza ilościowa białek – ICAT, SILAC, iTRAQ i katalizowane trypsyną znaczenie tlenem 18O
 - Analiza profili metabolitów pierwotnych i wtórnych metodami spektrometrii mas
3. Przykłady praktycznych zastosowań technik spektrometrii mas do identyfikacji i badań nad rolą i funkcją produktów naturalnych oraz biopolimerów (głównie białek). Zastosowanie bezpośredniego wprowadzania próbek lub wykorzystanie połączeń technik separacyjnych. Profilowanie metabolitów pierwotnych i wtórnych w próbkach materiału biologicznego. (7 godzin):
 - Określanie funkcji białek z wykorzystaniem technik MS
 - Analiza oddziaływań białek przy pomocy technik MS
 - Poszukiwanie biomarkerów chorób przy wykorzystaniu technik MS
 - Diagnozowanie chorób genetycznych metodą profilowania płynów fizjologicznych przy wykorzystaniu metod GC/MS i LC/MS
 - Możliwości zastosowań technik MS podczas realizacji projektów badawczych z zakresu biotechnologii

Dodatkowo cztery dwu-i-półgodzinne zajęcia odbywają się w laboratorium spektrometrii mas. Pierwsze zajęcia przeznaczone są na zapoznanie studentów z wykorzystaniem spektrometrów mas do analiz proteomicznych. Pozostałe realizowane są z wykorzystaniem spektrometrów mas przystosowanych do analiz metabolomicznych. Ćwiczenia realizowane są przez siedmioosobowe zespoły studentów. Program ćwiczeń w laboratorium obejmuje następujące zagadnienia: przygotowanie materiału biologicznego do analiz metodami elektroforezy 2D, wykonanie elektroforetogramów, trawienie białek oraz analizę próbek metodami MS. W drugiej części ćwiczeń wykonane zostaną analizy metabolomiczne materiału biologicznego metodami GC/MS.

Metody dydaktyczne

Ćwiczenia: pokaz multimedialny, ćwiczenia praktyczne w laboratorium - praca w zespole, demonstracja.

Literatura

Podstawowa

1. Spektrometria mas – podręcznik dla chemików i biochemików, R.A.W. Johnstone i M.E. Rose, PWN 2001.
2. Spektrometria mas, E. De Hoffmann, J. Charette, V. Stroobant, Wydawnictwo Naukowo Techniczne 1998.
3. Spektrometria mas, P. Suder, J. Silberring red., Wydawnictwo Uniwersytetu Jagiellońskiego, 2006.
4. Proteomika, J.Silberring red., Wydawnictwo Uniwersytetu Jagiellońskiego, 2008.
5. Proteomika i metabolomika, J. Silberring, A. Drabik, A. Kraj, Wydawnictwa Uniwersytetu Warszawskiego 2011.

Uzupełniająca

1. Handbook of Proteomic Methods, P.M. Conn Ed., Humana Press 2003.
2. Introduction to mass spectrometry, 4th Edition, J.T Watson i O.D. Sparkman, Wiley 2008.

Bilans nakładu pracy przeciętnego studenta

	Godzin	ECTS
Łączny nakład pracy	50	2,00
Zajęcia wymagające bezpośredniego kontaktu z nauczycielem	30	1,50
Praca własna studenta (studia literaturowe, przygotowanie do zajęć laboratoryjnych/ćwiczeń, przygotowanie do kolokwium/egzaminu, wykonanie projektu)	20	0,50