

SYLABUS PRZEDMIOTU NA STUDIACH WYŻSZYCH

1.	Nazwa przedmiotu/modułu w języku polskim: Biologia systemowa
2.	Język wykładowy: język polski
3.	Jednostka prowadząca przedmiot Wydział Biotechnologii
4.	Kod przedmiotu/modułu: 29-BT-S2-E2-BS 29-BT-S2-E2-BSc
5.	Rodzaj przedmiotu/modułu: obowiązkowy
6.	Kierunek studiów (specjalność): Biotechnologia (Biologia molekularna i Bioinformatyka)
7.	Poziom studiów: II stopień
8.	Rok studiów: I rok
9.	Semestr: letni
10.	Forma zajęć i liczba godzin: wykład, 15 godz. ćwiczenia laboratoryjne, 30 godz.
11.	Imię, nazwisko, tytuł/stopień naukowy osoby prowadzącej zajęcia: dr hab. Małgorzata Heidorn-Czarna
12.	Wymagania wstępne w zakresie wiedzy, umiejętności i kompetencji społecznych dla przedmiotu/modułu: <ul style="list-style-type: none"> • wiedza o molekularnych podstawach zjawisk i procesów biologicznych; • znajomość struktury i funkcji białek, kwasów nukleinowych, cukrów i związków lipidowych oraz ich metabolizmu; • wiedza na temat procesów replikacji, transkrypcji i translacji; • znajomość podstawowych technik biologii molekularnej i biochemii; • umiejętność przeprowadzania podstawowych obliczeń biochemicznych.

13.	<p>Cele przedmiotu</p> <p>Głównym celem zajęć jest poznanie:</p> <ul style="list-style-type: none"> • koncepcji biologii systemowej jako podejścia naukowego opartego na badaniach typu „omika” w celu zrozumienia globalnego obrazu procesów biologicznych zachodzących w organizmach; • różnych metod i baz danych typu „omika” stosowanymi w biologii systemowej, szczególnie biologii systemowej roślin; • problematyki badań typu „omika”; • przykładów badań opisanych w bieżącej literaturze naukowej i projektach badawczych prowadzącego wykorzystujących informacje z badań typu „omika”. <p>oraz nabycie umiejętności:</p> <ul style="list-style-type: none"> • różnych metod proteomicznych; • specyficznej izolacji i analizy ilościowej białek roślinnych; • zastosowania oprogramowań komputerowych do analizy ilościowej i różnicowej uzyskanych danych.
14.	<p>Treści programowe - wykład:</p> <ul style="list-style-type: none"> • koncepcja „biologii systemowej” jako podejścia naukowego łączącego informacje z badań typu „omika”; rozwój nauk „omiki” na przestrzeni lat; • metody typu „omika” ze szczególnym uwzględnieniem najnowszych trendów: genomika (sekwencjonowanie Sangera, głębokie sekwencjonowanie); transkryptomika (mikromacierze ekspresyjne, sekwencjonowanie RNA, ilościowy PCR); proteomika (identyfikacja białek za pomocą spektrometrii mas, porównawcze analizy ilościowe typu SILAC, SILAM, iTRAQ; proteomika docelowa oparta na spektrometrii mas: MRM); metabolomika (HPLC, chromatografia gazowa i cieczowa połączona ze spektrometrią mas: GC-MS, LC-MS, spektroskopia NMR) oraz bazy danych stosowane w badaniach typu „omiki”; • serwery biologiczne baz danych opartych na wynikach badań typu „omika” dla modelowych organizmów; • zastosowanie odwrotnej genetyki w badaniach funkcji genów za pomocą metod typu „omika”; • korelacja pomiędzy poziomem transkryptów i poziomem białek w organizmach modelowych; <p>Treści programowe - ćwiczenia:</p> <ul style="list-style-type: none"> • metody izolacji i detekcji białek roślinnych z zastosowaniem metod proteomicznych opartych na technikach żelowych (zastosowanie elektroforezy dwukierunkowej 2D-PAGE); • porównawcza analiza ilościowa białek z zastosowaniem oprogramowania Delta 2D do analizy żeli dwukierunkowych, firmy Decodon.

15.	<p>Zakładane efekty kształcenia:</p> <p>Student:</p> <ul style="list-style-type: none"> • ma pogłębioną wiedzę z zakresu biologii systemowej (w tym przede wszystkim transkryptomiki i proteomiki) i jej zastosowaniach w różnych dziedzinach biotechnologii; • opisuje złożone zjawiska związane z regulacją ekspresji genów, dostrzega korelację pomiędzy poziomem transkryptów i poziomem białek; • właściwie dobiera i stosuje techniki izolacji i proteomicznej detekcji białek; • selekcjonuje i analizuje dane pochodzące z baz danych; • rozumie potrzebę systematycznego zapoznawania się z literaturą fachową w celu poszerzania i pogłębiania wiedzy, uznaje znaczenie wiedzy w rozwiązywaniu problemów poznawczych i praktycznych. 	<p>Symbole odpowiednich kierunkowych efektów kształcenia:</p> <p>K_W03</p> <p>K_W01, K_W04</p> <p>K_U01, K_U04</p> <p>K_U03</p> <p>K_K02, K_K05</p>
16.	<p>Literatura obowiązkowa:</p> <ul style="list-style-type: none"> • materiały udostępnione przez prowadzącego <p>Literatura zalecana:</p> <ul style="list-style-type: none"> • Drabik A., Kraj A., Silberring J., Proteomika i metabolomika, Wydawnictwo Uniwersytetu Warszawskiego; • Meyers RA., Systems Biology, John Wiley & Sons; • Tymoczko JL., Berg JM., Stryer L., Biochemistry: A Short Course, W.H. Freeman; • Miller H., Witherow DS., Carson S., Molecular Biology Techniques: A Classroom Laboratory Manual, Academic Press. 	
17.	<p>Metody weryfikacji zakładanych efektów kształcenia:</p> <ul style="list-style-type: none"> • wykład: egzamin pisemny • ćwiczenia: zadania praktyczne do wykonania podczas zajęć, test końcowy. 	
18.	<p>Warunki i forma zaliczenia poszczególnych komponentów przedmiotu/modułu:</p> <ul style="list-style-type: none"> • pozytywna ocena z egzaminu pisemnego • pozytywna ocena z testu końcowego i wykonanie zadań praktycznych 	

	Nakład pracy studenta:	
	forma działań studenta	liczba godzin na realizację działań
	Zajęcia (wg planu studiów) z prowadzącym: <ul style="list-style-type: none"> • wykład • ćwiczenia 	15 30
19.	praca własna studenta (w tym udział w pracach grupowych): <ul style="list-style-type: none"> • czytanie wskazanej literatury i materiałów • przygotowanie do zajęć • przygotowanie do zaliczenia • przygotowanie do egzaminu 	30
	łącznie liczba godzin:	75
	Liczba punktów ECTS: <ul style="list-style-type: none"> • wykład • ćwiczenia 	1 2