POLITECHNIKA GDAŃSKA

Karta przedmiotu

Nazwa i kod przedmiotu	PROTEOMIKA, PG_00069555		
Kierunek studiów	InfoBioChem		
Data rozpoczęcia studiów	luty 2027 r.	Rok akademicki realizacji przedmiotu	2027/2028
Poziom kształcenia	II stopnia	Grupa zajęć	Grupa zajęć obowiązkowych z zakresu kierunku studiów Grupa zajęć powiązanych z prowadzonymi badaniami naukowymi w dziedzinie nauki związanej z kierunkiem - profil ogólnoakademicki
Forma studiów	stacjonarne	Sposób realizacji	na uczelni
Rok studiów	1	Język wykładowy	polski
Semestr studiów	2	Liczba punktów ECTS	2.0
Profil kształcenia	ogólnoakademicki	Forma zaliczenia	zaliczenie
Jednostka prowadząca	Wydziały Politechniki Gdańskiej -> Wydział Chemiczny -> Katedra Chemii Fizycznej		
Imię i nazwisko wykładowcy (wykładowców)	Odpowiedzialny za przedmiot	prof. dr hab. inż. Jacek Czub	
	Prowadzący zajęcia z przedmiotu		

Formy zajęć						
Forma zajęć	Wykład	Ćwiczenia	Laboratorium	Projekt	Seminarium	RAZEM
Liczba godzin zajęć	15.0	0.0	15.0	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	2.0	18.0	50

Cel przedmiotu
Celem przedmiotu jest zapoznanie studentów z podstawami niecelowanej analizy metabolomicznej oraz proteomiki typu shotgun z wykorzystaniem technik LC-MS/MS. Studenci poznają zasady przygotowania próbek, akwizycji i kontroli jakości danych, identyfikacji oraz ilościowej analizy metabolitów i białek. Zajęcia obejmują przetwarzanie danych metabolomicznych w programie MS-DIAL, analizę danych proteomicznych DIA za pomocą DIA-NN, korzystanie z bazy UniProt do identyfikacji, adnotacji i interpretacji funkcji białek oraz analizę statystyczną, wizualizację i biologiczną interpretację wyników z wykorzystaniem platformy MetaboAnalyst. Studenci samodzielnie opracowują wyniki, przygotowują indywidualny raport i przedstawiają je w formie prezentacji ustnej.

Efekty uczenia się przedmiotu	Efekt kierunkowy	Efekt z przedmiotu	Sposób weryfikacji i oceny efektu
	[K7_K05] jest gotów do ustawicznego uczenia się, rozwijania wiedzy interdyscyplinarnej oraz aktualizowania umiejętności w dynamicznie zmieniającej się rzeczywistości naukowej i zawodowej	jest gotów do systematycznego poszerzania wiedzy z zakresu proteomiki i metabolomiki, aktualizowania umiejętności związanych z wykorzystaniem narzędzi bioinformatycznych oraz rzetelnego i zrozumiałego komunikowania wyników analiz omicznych.	[SK1] Ocena umiejętności pracy w grupie [SK4] Ocena umiejętności komunikacji, w tym poprawności językowej
	[K7_U02] potrafi posługiwać się informatycznymi narzędziami służącymi do operacji na sekwencjach nukleotydowych i białkowych	potrafi posługiwać się narzędziami bioinformatycznymi i bazami danych sekwencji białkowych w celu identyfikacji oraz ilościowej analizy białek, w szczególności przetwarza dane proteomiczne uzyskane metodą DIA z wykorzystaniem programu DIA-NN, Uniport.	[SU1] Ocena realizacji zadania [SU2] Ocena umiejętności analizy informacji [SU3] Ocena umiejętności wykorzystania wiedzy uzyskanej w ramach przedmiotu [SU4] Ocena umiejętności korzystania z metod i narzędzi [SU5] Ocena umiejętności zaprezentowania wyników realizacji zadania
	[K7_U04] potrafi trafnie dobierać i stosować metody i narzędzia badawcze właściwe dla kierunku studiów w obszarze nauk biologicznych i medycznych oraz chemicznych w tym biologii molekularnej, systemowej, medycznej, biotechnologii i bioinformatyki	potrafi dobrać i zastosować odpowiednie metody analizy danych z niecelowanych badań metabolomicznych i proteomiki typu shotgun z wykorzystaniem programów MS-DIAL, DIA-NN oraz platformy MetaboAnalyst, interpretuje uzyskane wyniki, przygotowuje indywidualny raport i przedstawia wyniki w formie prezentacji ustnej.	[SU1] Ocena realizacji zadania [SU2] Ocena umiejętności analizy informacji [SU3] Ocena umiejętności wykorzystania wiedzy uzyskanej w ramach przedmiotu [SU4] Ocena umiejętności korzystania z metod i narzędzi [SU5] Ocena umiejętności zaprezentowania wyników realizacji zadania
	[K7_W03] zna i rozumie metody statystycznej analizy zjawisk biologicznych, procesów biotechnologicznych lub chemicznych oraz specjalistyczne narzędzia bioinformatyczne	zna i rozumie podstawy przetwarzania, kontroli jakości i statystycznej analizy danych uzyskiwanych w niecelowanych badaniach metabolomicznych oraz proteomice typu shotgun, a także zasady wykorzystania programów MS-DIAL, DIA-NN i platformy MetaboAnalyst.	[SW3] Ocena wiedzy zawartej w opracowaniu tekstowym i projektowym [SW1] Ocena wiedzy faktograficznej

Treści przedmiotu	Treści przedmiotu - wykład 1. Wprowadzenie do nauk omicznych: proteomika i metabolomika oraz ich zastosowania w badaniach biologicznych i biomedycznych – 1 godz. 2. Planowanie eksperymentów omicznych, przygotowanie próbek, randomizacja, próbki kontrolne i kontrola jakości – 2 godz. 3. Podstawy chromatografii cieczowej i tandemowej spektrometrii mas (LC-MS/MS) – 2 godz. 4. Niecelowana analiza metabolomiczna: detekcja cech, dekonwolucja, wyrównanie sygnałów, normalizacja, identyfikacja i adnotacja metabolitów – 2 godz. 5. Przetwarzanie danych metabolomicznych z wykorzystaniem programu MS-DIAL – 2 godz. 6. Proteomika typu shotgun: trawienie enzymatyczne białek, identyfikacja peptydów i białek, ilościowa analiza proteomu oraz strategie akwizycji DDA i DIA – 2 godz. 7. Analiza danych proteomicznych DIA za pomocą programu DIA-NN oraz wykorzystanie bazy UniProt do identyfikacji, adnotacji i interpretacji funkcji białek – 2 godz. 8. Statystyczna analiza i wizualizacja danych omicznych, analiza wielowymiarowa, interpretacja biologiczna wyników z wykorzystaniem platformy MetaboAnalyst oraz zasady raportowania wyników – 2 godz. Treści przedmiotu - laboratoria 1. Organizacja eksperymentu metabolomicznego i proteomicznego, przygotowanie metadanych, ocena jakości danych oraz zapoznanie ze strukturą plików pochodzących ze spektrometrii mas – 3 godz. 2. Przetwarzanie danych z niecelowanej analizy metabolomicznej w programie MS-DIAL: detekcja cech, dekonwolucja, wyrównanie, filtracja, normalizacja i adnotacja metabolitów – 3 godz. 3. Analiza danych z proteomiki typu shotgun uzyskanych w trybie DIA za pomocą programu DIA-NN: identyfikacja peptydów i białek, kontrola FDR oraz analiza ilościowa – 3 godz. 4. Wyszukiwanie informacji o białkach w bazie UniProt oraz ich funkcjonalna adnotacja i biologiczna interpretacja – 2 godz. 5. Analiza statystyczna i wizualizacja danych w platformie MetaboAnalyst: normalizacja, PCA, analiza skupień, mapy cieplne oraz analiza różnic między grupami – 2 godz. 6. Biologiczna interpretacja uzyskanych wyników, przygotowanie indywidualnego raportu i ustna prezentacja rezultatów analizy – 2 godz.
Wymagania wstępne i dodatkowe	Podstawowa wiedza z zakresu biochemii, biologii molekularnej, chemii analitycznej i statystyki. Znajomość budowy i funkcji białek oraz podstaw metabolizmu komórkowego. Podstawowa umiejętność obsługi komputera, pracy z arkuszami kalkulacyjnymi i interpretacji danych biologicznych.
Sposoby i kryteria oceniania osiąganych efektów uczenia się	

Sposób oceniania (składowe)	Próg zaliczeniowy	Składowa oceny końcowej
Prezentacja na zadany temat (wykład)	60.0%	40.0%
Raport z wykonanych ćwiczeń (laboratorium)	60.0%	60.0%

Zalecana lista lektur	Podstawowa lista lektur	Aebersold R., Mann M., Mass-spectrometric exploration of proteome structure and function, Nature, 2016, 537, 347–355. Gillet L.C. i wsp., Targeted data extraction of the MS/MS spectra generated by data-independent acquisition: a new concept for consistent and accurate proteome analysis, Molecular & Cellular Proteomics, 2012, 11. Aktualne instrukcje, samouczki i dokumentacja programów MS-DIAL, DIA-NN i MetaboAnalyst oraz bazy UniProt.
	Uzupełniająca lista lektur	https://systemsomicslab.github.io/compms/msdial/main.html https://www.metaboanalyst.ca/ https://www.uniprot.org/ https://aptila.bio/
	Adresy eZasobów	
Przykładowe zagadnienia/ przykładowe pytania/ realizowane zadania	1. Omówienie różnic między analizą celowaną i niecelowaną oraz między strategiami akwizycji DDA i DIA. 2. Zaplanowanie eksperymentu metabolomicznego lub proteomicznego z uwzględnieniem randomizacji, próbek kontrolnych i kontroli jakości. 3. Przetworzenie danych z niecelowanej analizy metabolomicznej w programie MS-DIAL. 4. Ocena jakości danych, filtracja sygnałów, normalizacja oraz adnotacja metabolitów. 5. Analiza danych z proteomiki typu shotgun uzyskanych w trybie DIA za pomocą programu DIA-NN. 6. Interpretacja wartości FDR i kryteriów wiarygodnej identyfikacji peptydów oraz białek. 7. Pobranie odpowiedniej bazy sekwencji FASTA z UniProt oraz wykorzystanie informacji o funkcji, lokalizacji i szlakach biologicznych białek. 8. Przeprowadzenie analizy statystycznej i wizualizacji wyników w MetaboAnalyst, w tym PCA, analizy skupień, map cieplnych i analizy różnic między grupami. 9. Biologiczna interpretacja uzyskanych wyników oraz wskazanie ograniczeń przeprowadzonej analizy. 10. Przygotowanie indywidualnego raportu oraz ustna prezentacja wyników.	
Zajęcia praktyczne w ramach przedmiotu	Nie dotyczy	

Dokument wygenerowany elektronicznie. Nie wymaga pieczęci ani podpisu.