

SYLABUS PRZEDMIOTU

1.	Nazwa przedmiotu w języku polskim oraz języku angielskim Inżynieria białka Protein Engineering
2.	Dyscyplina naukowa Biotechnologia Nauki medyczne Inżynieria biomedyczna
3.	Język wykładowy Język polski
4.	Jednostka prowadząca przedmiot Wydział Biotechnologii
5.	Rodzaj przedmiotu obowiązkowy
6.	Kierunek studiów Medyczna biotechnologia molekularna
7.	Poziom studiów Jednolite studia magisterskie
8.	Rok studiów III rok
9.	Semestr semestr zimowy
10.	Forma zajęć i liczba godzin wykład, 20 godzin konwersatorium, 5 godzin ćwiczenia laboratoryjne, 30 godzin
11.	Wymagania wstępne w zakresie wiedzy, umiejętności i kompetencji społecznych dla przedmiotu - wiedza z zakresu chemii organicznej i biochemii strukturalnej - znajomość budowy białek; - wiedza z zakresu metod biofizycznych w badaniu struktury białek;

	• umiejętność wykonywania obliczeń chemicznych i biochemicznych; • znajomość podstawowych technik chemii biofizycznej.
12.	Cele kształcenia dla przedmiotu: • zaznajomienie studenta z podstawowymi zagadnieniami i technikami z zakresu inżynierii białka.
13.	Treści programowe: Wykład i konwersatorium: • Budowa białek, główne typy funkcjonalne białek, aminokwasy, struktury II-, III- i IV-rzędowe; • typy oddziaływań, elementy stabilizujące struktury białek, efekt hydrofobowy, zwijanie białek, motywy strukturalne i funkcjonalne; • białka fuzyjne, efekty addytywne w chemii białka; • oddziaływanie białko-białko: układ enzym-inhibitor, receptor-ligand, przeciwciało-antygen, skaning alaninowy, efekty podstawień aminokwasowych, specyficzność; zagadnienia stabilności białek i termodynamiki; • splicing białek; • prezentacja białek na powierzchni faga: metoda bibliotek białkowych: minimalizacja struktur białkowych; • modyfikacje kowalencyjne; • oligomeryzacja białek; • znakowanie białek; • mechanizmy kierowania i regulacji białek; • modyfikacje białek do zastosowań medycznych; • generowanie nowych aktywności w białkach; • koniugaty białkowe, białka skoniugowane z lekiem; • projektowanie białek: dopasowanie sekwencyjne, motywy strukturalne i funkcjonalne, metody eksperymentalne i komputerowe analizy funkcji białek. Ćwiczenia laboratoryjne: • wprowadzenie mutacji punktowych w białkach mających na celu m. in. zwiększenie stabilności białka lub obniżenie powinowactwa liganda do receptora; • projektowanie starterów do wykorzystania w technice ukierunkowanej mutageniezy; • przeprowadzenie, z wykorzystaniem specyficznej polimerazy, reakcji PCR w celu wprowadzenia wybranej mutacji do sekwencji nukleotydowej kodującej sekwencję aminokwasową zadanego białka; • trawienie DNA matrycowego z wykorzystaniem odpowiedniego enzymu; • transformacja bakterii kompetentnych zmutowanym DNA plazmidowym; • izolacja i oczyszczanie DNA plazmidowego; • oznaczanie stężenia DNA w próbce poprzez pomiary spektrofotometryczne; • przygotowywanie buforów i niezbędnych odczynników oraz analiza przebiegu mutageniezy oraz oszacowanie stężenia DNA poprzez elektroforezę DNA w żelu agarozowym; • przygotowanie próbek do analizy sekwencji otrzymanego DNA z

	wykorzystaniem metody Sangera.	
14.	Zakładane efekty uczenia się Student: • ma pogłębioną wiedzę o strukturze, właściwościach i termodynamice białek; • ma pogłębioną wiedzę z zakresu oddziaływań białko-białko; • zna zasady projektowania białek o nowych właściwościach; • zna i właściwie dobiera oraz stosuje zaawansowane techniki i narzędzia badawcze wykorzystywane do wprowadzania mutacji w białkach, tj. projektowanie mutagennych oligonukleotydów, ustalanie warunków przeprowadzania reakcji PCR, wprowadzanie DNA plazmidowego do komórek bakteryjnych, izolacja i oczyszczanie DNA, analiza wyników sekwencjonowania z wykorzystaniem narzędzi bioinformatycznych; • identyfikuje błędy i rozwiązuje problemy w pracy eksperymentalnej; • opracowuje wyniki eksperymentów w postaci raportu; • zna zasady bezpieczeństwa i higieny pracy oraz ergonomii w laboratorium; • potrafi współdziałać i pracować w grupie nad planowaniem eksperymentów i rozwiązywaniem problemów; określa priorytety służące realizacji projektu.	Symbole odpowiednich kierunkowych efektów uczenia się: K_W01, K_W04, K_W05, K_W07 K_U01, K_U02, K_U03, K_U04 K_U06, K_U07, K_U08, K_K01, K_K02 K_W09, K_K06 K_U11, K_K03
15.	Literatura obowiązkowa: • materiały udostępnione przez prowadzących, w tym instrukcja do ćwiczeń laboratoryjnych Literatura zalecana: • Perutz M.; Protein structure: New Approaches to Disease and Therapy, Freeman; • Rees AR., Sternberg MJE., Wetzel R., Protein engineering: A practical approach, IRL Press; • Brooks CL., Karplus M., Pettitt BM., Proteins: A Theoretical Perspective of Dynamics, Structure, and Thermodynamics, Wiley-Interscience; • Zhao H., Lee s. Y., Nielsen J., Stephanopoulos G., Protein Engineering: Tools and Applications, Wiley VCH.	

16.	Metody weryfikacji zakładanych efektów uczenia się: wykład: • egzamin ustny (warunkiem przystąpienia do egzaminu jest uzyskanie oceny pozytywnej z konwersatorium i ćwiczeń). ćwiczenia laboratoryjne: • pisemne rozwiązania zadań związanych z doświadczeniami wykonywanymi podczas zajęć i analizą danych w nich zawartych; • pisemne sprawozdanie opisujące przebieg ćwiczeń, obserwacje poczynione podczas ich przebiegu oraz rezultaty i wnioski; • ocena pracy i sposobu wykonywania doświadczeń podczas zajęć (zaliczenie praktyczne; obecność obowiązkowa); • kolokwium pisemne.	
17.	Warunki i forma zaliczenia poszczególnych komponentów przedmiotu: • pozytywna ocena pracy podczas zajęć oraz przedstawionego raportu i egzaminu	
	Nakład pracy studenta wyrażony w godzinach zajęć oraz punktach ECTS	liczba godzin przeznaczona na zrealizowanie danego rodzaju zajęć
	zajęcia (wg planu studiów) z prowadzącym: • wykład • konwersatorium • ćwiczenia laboratoryjne	20 godzin 5 godzin 30 godzin
	praca własna studenta: • przygotowanie do ćwiczeń • rozwiązanie zadań • przygotowanie raportu • konsultacje • czytanie wskazanej literatury • przygotowanie do zaliczenia i egzaminu	65 godzin
	łącznie liczba godzin zajęć	120 godzin
	Liczba punktów ECTS:	6 ECTS