Nazwa kierunku studiów	Biologia
Nazwa modułu, także nazwa w języku angielskim	Biofizyka białek Biophysics of Proteins
Język wykładowy	polski
Rodzaj modułu	do wyboru
Poziom studiów	pierwszego stopnia
Forma studiów	stacjonarne
Rok studiów dla kierunku	II
Semestr dla kierunku	3
Liczba punktów ECTS z podziałem na kontaktowe/ niekontaktowe	2 (1,32/0,68)
Tytuł naukowy/stopień naukowy, imię i nazwisko osoby odpowiedzialnej za moduł	Dr hab. Marta Arczewska
Jednostka oferująca moduł	Katedra Biofizyki
Cel modułu	Wyjaśnienie biofizycznych podstaw zależności pomiędzy budową, właściwościami fizykochemicznymi, stabilnością i funkcją białek. Zapoznanie z zasadami fizycznymi, zakresem zastosowań i ograniczeniami wybranych metod stosowanych do badania białek - od metod spektroskopowych i fotometrycznych po metody wyznaczania i przewidywania struktur. Kształcenie umiejętności doboru metody badawczej, opracowania i interpretacji danych eksperymentalnych oraz krytycznego korzystania z literatury naukowej i baz danych struktur białek.
Efekty uczenia się dla modułu to opis zasobu wiedzy, umiejętności i	Wiedza:
	W1 – student zna i rozumie w zaawansowanym stopniu biofizyczne podstawy organizacji strukturalnej białek oraz zależności pomiędzy ich strukturą, właściwościami fizykochemicznymi, stabilnością, fałdowaniem i funkcją.
kompetencji społecznych, które student osiągnie po zrealizowaniu zajęć.	W2 – student zna i rozumie zasady fizyczne, możliwości i ograniczenia wybranych metod badania białek, w szczególności metod spektroskopowych oraz metod wyznaczania i przewidywania struktur białek.
	Umiejętności:
	U1 - student potrafi dobrać właściwą metodę do prostego problemu badawczego dotyczącego białek, wykonać lub przeanalizować pomiar, opracować wyniki oraz zinterpretować je w odniesieniu do struktury i właściwości białka.
	U2 - student potrafi wyszukiwać i krytycznie analizować informacje w literaturze naukowej i bazach danych, posługiwać się poprawną terminologią oraz przedstawiać i uzasadniać wnioski z analizy problemu biofizycznego.
	Kompetencje społeczne:
	K1 – Student jest gotów do ustawicznego samokształcenia i samodoskonalenia poprzez systematyczne uczenie się, uaktualnianie wiedzy z zakresu swej działalności z dostępnych źródeł literatury i innych, w celu podnoszenia kompetencji.
Wymagania wstępne i do-	Podstawowa wiedza z zakresu budowy i funkcji białek oraz podstaw fizy-

datkowe	ki, biofizyki i biochemii, w szczególności: oddziaływania międzycząsteczkowe, budowa aminokwasów i białek oraz podstaw fizycznych metod spektroskopii.
Treści programowe modułu	1. Budowę i klasyfikację aminokwasów i białek; właściwości fizykochemiczne, optyczne i biologiczne białek. 2. Fotometryczne metody oznaczania zawartości białka, w tym metodę Bradforda; widma absorpcyjne i emisyjne aminokwasów i białek. 3. Poziomy organizacji strukturalnej białek oraz siły i wiązania stabilizujące strukturę pierwszo-, drugo-, trzecio- i czwartorzędową. 4. Stabilność białek, wpływ czynników fizycznych i chemicznych na strukturę, mechanizmy fałdowania i denaturacji. 5. Spektroskopię fluorescencyjną w badaniach zmian konformacyjnych białek. 6. Spektroskopię wibracyjną w podczerwieni i analizę informacji o strukturze drugorzędowej białek. 7. Biofizyczne zasady działania biosensorów opartych na białkach. 8. Podstawy i porównanie metod wyznaczania struktur białek: krystalografii rentgenowskiej i mikroskopii krioelektronowej (cryo-EM). 9. Podstawy przewidywania struktur białek oraz korzystanie z baz danych i narzędzi bioinformatycznych do analizy struktur. 10. Opracowanie, wizualizację i interpretację wyników wybranego zadania badawczego oraz formułowanie wniosków w formie sprawozdania.
Wykaz literatury podstawowej i uzupełniającej	Literatura podstawowa: 1. Doonan S., Białka i peptydy, Wydawnictwo Naukowe PWN, 2008 2. Hames B. D., Hooper N. M., Krótkie wykłady Biochemia Wydawnictwo Naukowe PWN, 2021. 3. Dołowy K. Biofizyka. Wydawnictwo SGGW, 2005 4. Hendrich W., Molekularna biofizyka białka, Wydawnictwo Atla 2, 2005 Literatura uzupełniająca: 1. Ślósarek G., Biofizyka molekularna. Zjawiska. Instrumenty. Modelowanie, Wydawnictwo Naukowe PWN, 2011 2. Silverstein R.M., Webster F.X., Kiemle D.J., Spektroskopowe metody identyfikacji związków organicznych, Wydawnictwo Naukowe PWN, 2007 3. Bazy i zasoby naukowe wykorzystywane podczas zajęć, w szczególności RCSB Protein Data Bank (PDB) oraz AlphaFold Protein Structure Database.
Planowane formy/ działania/metody dydaktyczne	<u>Wykład:</u> - wykład z prezentacją multimedialną i krótkimi elementami aktywizującymi; - analiza przykładów danych eksperymentalnych i struktur białek; - demonstracja działania wybranych metod, baz danych i narzędzi do analizy struktur. <u>Ćwiczenia audytoryjne z elementami pracy praktycznej:</u> - realizacja i analiza wybranych zadań pomiarowych dotyczących białek; - opracowanie danych, wykonanie podstawowych obliczeń i wizualizacji oraz interpretacja wyników; - zadania problemowe indywidualne i zespołowe, praca z literaturą i bazami danych; - panele dyskusyjne i formułowanie wniosków na podstawie danych i źródeł naukowych.
Sposoby weryfikacji oraz formy dokumentowania osiągniętych efektów ucze-	<u>Sposoby weryfikacji efektów uczenia się:</u> W1, W2 - pisemny test zaliczeniowy obejmujący rozumienie zależności struktura-właściwości-funkcja oraz zasad, zastosowań i ograniczeń oma-

<table>
<tr><td>nia się</td><td>wianych metod.
U1 - opracowanie sprawozdania z wybranego zadania badawczego: przedstawienie wyników, ich analiza, interpretacja i sformułowanie wniosków.
U2 - zadanie z wykorzystaniem literatury i/lub baz danych oraz ocena sposobu argumentowania i posługiwania się terminologią podczas panelu dyskusyjnego i w sprawozdaniu.
K1 - ocena systematyczności pracy, sposobu korzystania ze źródeł naukowych i wykorzystania informacji zwrotnej przy opracowaniu zadania.
<u>Formy dokumentowania osiągniętych efektów uczenia się</u>:
Prezentacje multimedialne i sprawozdania studentów archiwizowane w formie elektronicznej, test zaliczeniowy, dziennik prowadzącego, wpis do systemu ocen.</td></tr>
<tr><td>Elementy i wagi mające wpływ na ocenę końcową</td><td>Warunkiem zaliczenia modułu jest osiągnięcie wszystkich zakładanych efektów uczenia się oraz uzyskanie pozytywnej oceny z każdej z dwóch głównych części zaliczenia.
<u>Ocena końcowa:</u>
- test zaliczeniowy - 50% oceny końcowej;
- ćwiczenia audytoryjne - 50% oceny końcowej, w tym: sprawozdanie z wybranego zadania badawczego - 35%, zadanie z bazami danych/panel dyskusyjny i aktywność problemowa - 15%.
W przypadku uzyskania oceny niedostatecznej z testu lub z części ćwiczeniowej ocena końcowa jest niedostateczna niezależnie od średniej ważonej.
<u>Kryteria procentowe:</u>
3,0: 51-60%; 3,5: 61-70%; 4,0: 71-80%; 4,5: 81-90%; 5,0: 91-100%.
W sprawozdaniu oceniane są w szczególności: poprawność opracowania danych, adekwatność interpretacji, jakość wniosków oraz poprawne wykorzystanie źródeł i terminologii naukowej.</td></tr>
<tr><td rowspan="9">Bilans punktów ECTS</td><td colspan="3">KONTAKTOWE</td></tr>
<tr><td>Forma zajęć</td><td>Liczba godz.</td><td>Punkty ECTS</td></tr>
<tr><td>Wykład</td><td>15 godz.</td><td>0,6</td></tr>
<tr><td>Ćwiczenia audytoryjne</td><td>15 godz.</td><td>0,6</td></tr>
<tr><td>Udział w dyskusji</td><td>3 godz.</td><td>0,12</td></tr>
<tr><td>Razem kontaktowe</td><td>33 godz.</td><td>1,32</td></tr>
<tr><td colspan="3">NIEKONTAKTOWE</td></tr>
<tr><td>Analiza danych i opracowanie problemu badawczego</td><td>8 godz.</td><td>0,32</td></tr>
<tr><td>Studiowanie literatury, praca z bazami danych i przygotowanie do testu</td><td>9 godz.</td><td>0,36</td></tr>
<tr><td>Razem niekontaktowe</td><td>17 godz.</td><td>0,68</td></tr>
<tr><td>Nakład pracy związany z zajęciami wymagającymi bezpośredniego udziału nauczyciela akademickiego</td><td colspan="3">Udział w:
- wykładach - 15 godz.
- ćwiczeniach audytoryjnych - 15 godz.
- zaliczeniu/ dyskusjach - 3 godz.
Łącznie 33 godz., co odpowiada 1,32 pkt. ECTS</td></tr>
<tr><td>Odniesienie modułowych efektów uczenia się do kierunkowych efektów uczenia się</td><td colspan="3">W1 – BI1_W04
W2 – BI1_W16
U1 – BI1_U01
U2 – BI1_U05
K1 – BI1_K01</td></tr>
</table>