FIŞA DISCIPLINEI

1. Date despre program

1.1 Instituţia de învăţământ superior	Universitatea Babes-Bolyai
1.2 Facultatea	Facultatea de Chimie și Inginerie Chimică
1.3 Departamentul	Departamentul de Chimie
1.4 Domeniul de studii	Inginerie biochimică
1.5 Ciclul de studii	4 ani, cu frecvenţă
1.6 Programul de studiu / Calificarea	Inginerie biochimică

2. Date despre disciplină

2.1 Denumirea disciplinei	**Bioinformatică**						
2.2 Titularul activităţilor de curs			Vacant/Conf. Dr. Laszlo Csaba Bencze				
2.3 Titularul activităţilor de seminar			vacant				
2.4 Anul de studiu	4	2.5 Semestrul	2	2.6. Tipul de evaluare	E	2.7 Regimul disciplinei	O

3. Timpul total estimat (ore pe semestru al activităţilor didactice)

3.1 Număr de ore pe săptămână	4	Din care: 3.2 curs	2	3.3 seminar/laborator	2
3.4 Total ore din planul de învăţământ	28	Din care: 3.5 curs	28	3.6 seminar/laborator	28
Distribuţia fondului de timp:					ore
Studiul după manual, suport de curs, bibliografie şi notiţe					8
Documentare suplimentară în bibliotecă şi pe platformele electronice de specialitate					4
Pregătire seminarii/laboratoare şi prezntări PP					10
Tutoriat					42
Examinări					5
Alte activităţi:					

3.7 Total ore studiu individual	64
3.8 Total ore pe semestru	125
3.9 Numărul de credite	5

4. Precondiţii (acolo unde este cazul)

4.1 de curriculum	• Cunoştinţe de baza: Biochimie, Biologie celulară şi moleculară, Genetică
4.2 de competenţe	• Utilizarea calculatorului şi abilităţi de navigare Internet

5. Condiţii (acolo unde este cazul)

5.1 De desfăşurare a cursului/seminarului	• Suport logistic video, laborator de calculatoare conectate la reţea (Internet)
5.2 De desfăşurare a	• Participarea la minim 80% din lucrarile de laborator este conditie

seminarului/laboratorului	pentru participarea la examen

6. Competenţele specifice acumulate

Competenţe profesionale	• Dobândirea capacităţii de a aborda (gândi) structura şi funcţia macromoleculelor în termeni de secvenţe biologice (nucleotidice şi proteice) şi de a utiliza terminologia şi metodele analitice ale bioinformaticii.
Competenţe transversale	• Aplicarea analizei bioinformatice pentru dobândirea de cunoaştere avansată în domeniul biomedical: genetică, genomică, proteomică, design experimental etc.

7. Obiectivele disciplinei (reieşind din grila competenţelor acumulate)

7.1 Obiectivul general al disciplinei	• Asimilarea cunoştinţelor de bază referitoare la stocarea, accesarea şi analiza secvenţelor biologice (de nucleotide şi de aminoacizi). • Însuşirea principiilor metodologice şi a principalelor tehnici de prelucrare computerizată a secvenţelor
7.2 Obiectivele specifice	• Oţinerea unor deprinderi practice de utilizare a bazelor de date de secvenţă şi de analiză bioinformatică a secvenţelor prin utilizarea unor pachete software specifice.

8. Conţinuturi

8.1 Curs	Metode de predare	Observaţii
1. Introducere in bioinformatică. Dogma centrală a bioinformaticii. Necesitatea bioinformaticii. Conţinutul bioinformaticii. Relaţia bioinformaticii cu alte discipline ale biologiei.	Prelegere frontală, suport video	
2. Bazele de date de secvenţe nucleotidice. Natura secvenţelor biologice. Coduri FASTA. Baze de date primare de secvenţe nucleotidice.Tipuri de secvenţe depozitate. Colaborarea Internaţională EMBL/ GenBank/DDBJ.	Prelegere frontală, suport video	
3. Bazele de date de secvenţe de aminoacizi (proteine). Sursele secvenţelor de aminoacizi; traducerea conceptuală. Criterii de calitate ale secvenţelor. Principalele baze de date de proteine: Entrez-proteine, Swiss-Prot şi TrEMBL. Adnotarea şi	Prelegere frontală, suport video	

formatele fişierelor.		
4. Analiza comparată a secvenţelor biologice: alinierea. Similaritatea şi omologia secvenţelor. Alinierea simplă (perechi de secvenţe). Măsurarea similarităţii. Scheme de scor pentru alinierea proteinelor: matricile de substituţie PAM şi BLOSUM.	Prelegere frontală, suport video	
5. Alinierea grafică a perechilor de secvenţe. Metode de aliniere optimă a perechilor de secvenţe. Alinierea „dot plot" (DotPlot şi DotLet). Alinierea optimă – programarea dinamică. Alinieri globale şi locale ale perechilor de secvenţe.	Prelegere frontală, suport video	
6. Interogarea bazelor de date – BLAST şi FASTA Scopurile interogării. Interogarea prin metode euristice. Algoritmul BLAST. Programe şi servicii BLAST pentru secvenţe de aminoacizi şi proteine.	Prelegere frontală, suport video	
7. Semnificaţia alinierii perechilor de secvenţe. Criterii biologice. Statistica interogării bazelor de date. Parametrii statistici ai interogării. Interpretarea interogării BLAST.	Prelegere frontală, suport video	
8. Interogarea BLAST avansată. Site-uri şi servere BLAST specializate. Ensemble. BLAST iterativ: PSI-BLAST. Interogarea BLAST cu pattern-uri de secventă-PHI-BLAST.	Prelegere frontală, suport video	
9. Alinierea multiplă (MSA). Alinieri multiple globale şi locale. Criterii utilizate în construirea alinierilor multiple. Semnificaţia scorurilor în alinierile multiple. Metode de aliniere multiplă. Alinierea progresivă a secvenţelor – Clustal, Clustal Omega	Prelegere frontală, suport video	
10. Bioinformatica exprimării genice. Analiza datelor de exprimare genică (microarray): procesarea datelor, normalizări globale şi locale. Semnificatia statistică a datelor. Analiza cluster ierarhică.	Prelegere frontală, suport video	
12. Arbori filogenetici. Introducere în filogenia moleculară. Morfologia şi proprietăţile arborilor. Arbori cu rădăcină şi fără rădăcină. Monofilie, parafilie şi polifilie. Filogenia organismelor – filogenia genelor.	Prelegere frontală, suport video	
13. Metode de predicție. Predicția proprietăților acizilor nucleici (structură, temperatură de topire), proteinelor (structură, porțiuni ordonate, neeordonate, motive lineare), precizitatea medodelor de predicție	Prelegere frontală, suport video	
14. Metode de analiză *in silico*. Vizualizarea grafică a macromoleculelor, modelare prin omologie a structurilor proteice și *in silico* docking.	Prelegere frontală, suport video	
	Prelegere frontală, suport video	

Bibliografie

Mount, D. W., 2004, *Bioinformatics: Sequence and Genome Analysis, 2nd Edition,* Cold Spring Harbor Laboratory Press

Pevsner, J., 2009, *Bioinformatics and functional Genomics*, Wiley-Blackwell, New Jersey.

Xiong, J., 2006, *Essential Bioinformatics*, Cambridge Univ. Press, Cambridge.

8.2 Seminar / laborator	Metode de predare	Observaţii
1.Bazele de date primare de nucleotide. Colaborarea internaţională NCBI/EMBL/DDBJ).Cautarea specifică, structura fişierelor şi interpretarea adnotărilor. Descărcarea informaţiei de secvenţă.	Activitate practică, subgrupe de 2 studenţi	
2. Căutarea secvenţelor specifice în funcţie de calea metabolică – resurse DDBJ.	Activitate practică, subgrupe de 2 studenţi	

3. Bazele de date de proteine. Utilizarea bazelor de date Uniprot și serviciilor Expasy.	Activitate practică, subgrupe de 2 studenţi	
4. Vizualizarea, modificare, inserare de gene cu programul Snapgene.	Activitate practică, subgrupe de 2 studenţi	
5. Proiectare de primeri pentru diferite aplicații: amplificare, secvențiere, mutații ale secvențelor de acizi nucleici.	Activitate practică, subgrupe de 2 studenţi	
6. Baza de date de structuri proteice –Protein Data Bank	Activitate practică, subgrupe de 2 studenţi	
7. Vizualizarea proteinelor (fişiere pdb) cu programul PyMOL.	Activitate practică, subgrupe de 2 studenţi	
8. Resurse NCBI de interogare a bazelor de date prin aliniere simplă: pachetul BLAST pentru nucleotide. Setarea MEGABLAST şi *blastn*. Interpretarea interogărilor.	Activitate practică, subgrupe de 2 studenţi	
9. Resurse NCBI de interogare a bazelor de date prin aliniere simplă: pachetul BLAST pentru proteine. Setarea *blastp* şi *tblastn*.	Activitate practică, subgrupe de 2 studenţi	
10. Utilizarea serviciului BLAST iterativ: PSI-BLAST	Activitate practică, subgrupe de 2 studenţi	
11. Alinierea multiplă cu programul ClustalX. Serviciul ClustalW la EMBL. Interpretarea rezultatelor alinierii.	Activitate practică, subgrupe de 2 studenţi	
12. Editarea alinierilor multiple folosind programul MOLSOFT, Bioedit.	Activitate practică, subgrupe de 2 studenţi	
13. Arbori filogenetici cu Clustal X, MEGA. Construirea unor arbori pentru proteine (enzima fenilalanin ammoniac liaza PAL).	Activitate practică, subgrupe de 2 studenţi	
14. Verificarea însuşirii deprinderilor practice de aliniere simplă şi multiplă, de editare a secvenţelor aliniate şi de construire a arborilor filogenetici pe baza secvenţelor de nucleotide şi de aminoacizi.	Seminar frontal. Exercitii pe calculator. Predarea temelor de casă.	
Bibliografie Tutorialele bazelor de date NCBI, EMBL, PDB, UniProt, Expasy si a programelor Snapgene, Pymol, Molsoft, Bioedit (accesare Internet).		

9. Coroborarea conţinuturilor disciplinei cu aşteptările reprezentanţilor comunităţii epistemice, asociaţiilor profesionale şi angajatori reprezentativi din domeniul aferent programului

- Cursul are un conţinut similar cursurilor din alte universitati europene şi ţine cont de nivelul de pregătire ale studenţilor;
- Cursul şi lucrările de laborator sunt fundamentale pentru dezvoltarea competenţelor de lucru în laboratoare diverse bazate pe manipularea, prelucraea şi analiza secvenţelor nucleotidice şi de aminoacizi.

10. Evaluare

Tip activitate	10.1 Criterii de evaluare	10.2 metode de evaluare	10.3 Pondere din nota finală
10.4 Curs	Asimilarea continutului informaţional	Examen scris	60%
	Abilitatea utilizării conceptelor/noţiunilor		
10.5 Seminar/laborator	Deprinderi de lucru în	Evaluarea fiecărei sedinţe de	40%

	manipularea şi analiza secvenţelor	laborator; seminar frontal in 2 etape (sapt. 7 şi 14) şi evaluarea prezentarii PP.	
	Capacitatea de a explica protocolul de lucru bioinformatic şi de a interpreta rezultatele.		
10.6 Standard minim de performanţă			
• Cunoasterea a 50% din informaţia continută in curs; • Dobândirea a 50% din abilităţile analitice practice.			

Data completării | Semnătura titularului de curs | Semnătura titularului de seminar

15.04.2024 | beuge | beuge

Data avizării în departament | Semnătura directorului de departament

16.04.2024