

## FIȘA DISCIPLINEI

### 1. Date despre program

1.1 Instituția de învățământ 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 frecvență
1.6 Programul de studiu / Calificarea	Inginerie biochimică

### 2. Date despre disciplină

2.1 Denumirea disciplinei	<b>Bioinformatică CLR 2584</b>						
2.2 Titularul activităților de curs	Lect. Dr. Laszlo-Csaba BENCZE						
2.3 Titularul activităților de seminar	Lect. Dr. Laszlo-Csaba BENCZE						
2.4 Anul de studiu	4	2.5 Semestrul	2	2.6. Tipul de evaluare	VP	2.7 Regimul disciplinei	Opt/DS

### 3. Timpul total estimat (ore pe semestru al activităților 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 învățământ	56	Din care: 3.5 curs	28	3.6 seminar/laborator	28
Distribuția fondului de timp:					ore
Studiul după manual, suport de curs, bibliografie și notițe					30
Documentare suplimentară în bibliotecă și pe platformele electronice de specialitate					30
Pregătire seminarii/laboratoare și prezentări PP					20
Tutoriat					10
Examinări					10
Alte activități: .....					
3.7 Total ore studiu individual		69			
3.8 Total ore pe semestru		125			
3.9 Numărul de credite		5			

### 4. Precondiții (acolo unde este cazul)

4.1 de curriculum	<ul style="list-style-type: none"> <li>Cunoștințe de baza: Biochimie, Biologie celulară și moleculară, Genetică</li> </ul>
4.2 de competențe	<ul style="list-style-type: none"> <li>Utilizarea calculatorului și abilități de navigare Internet</li> </ul>

### 5. Condiții (acolo unde este cazul)

5.1 De desfășurare a cursului/seminarului	<ul style="list-style-type: none"> <li>Suport logistic video, laborator de calculatoare conectate la rețea (Internet)</li> </ul>
---	--

5.2 De desfășurare a seminarului/laboratorului	<ul style="list-style-type: none"> <li>Participarea la minim 80% din lucrarile de laborator este conditie pentru participarea la examen</li> </ul>
--	--

## 6. Competențele specifice acumulate

Competențe profesionale	<ul style="list-style-type: none"> <li>Dobândirea capacității de a aborda (gândi) structura și funcția macromoleculelor în termeni de secvențe biologice (nucleotidice și proteice) și de a utiliza terminologia și metodele analitice ale bioinformaticii.</li> </ul>
Competențe transversale	<ul style="list-style-type: none"> <li>Aplicarea analizei bioinformaticice pentru dobândirea de cunoaștere avansată în domeniul biomedical: genetică, genomică, proteomică, design experimental etc.</li> </ul>

## 7. Obiectivele disciplinei (reieșind din grila competențelor acumulate)

7.1 Obiectivul general al disciplinei	<ul style="list-style-type: none"> <li>Asimilarea cunoștințelor de bază referitoare la stocarea, accesarea și analiza secvențelor biologice (de nucleotide și de aminoacizi).</li> <li>Însușirea principiilor metodologice și a principalelor tehnici de prelucrare computerizată a secvențelor</li> </ul>
7.2 Obiectivele specifice	<ul style="list-style-type: none"> <li>Ținerea unor deprinderi practice de utilizare a bazelor de date de secvență și de analiză bioinformatică a secvențelor prin utilizarea unor pachete software specifice.</li> </ul>

## 8. Conținuturi

8.1 Curs	Metode de predare	Observații
<b>1. Introducere in bioinformatică.</b> Dogma centrală a bioinformaticii. Necesitatea bioinformaticii. Conținutul bioinformaticii. Relația bioinformaticii cu alte discipline ale biologiei.	Prelegere frontală, suport video	
<b>2. Bazele de date de secvențe nucleotidice.</b> Natura secvențelor biologice. Coduri FASTA. Baze de date primare de secvențe nucleotidice. Tipuri de secvențe depozitate. Colaborarea Internațională EMBL/ GenBank/DDBJ.	Prelegere frontală, suport video	

<b>3. Bazele de date de secvențe de aminoacizi (proteine).</b> Sursele secvențelor de aminoacizi; traducerea conceptuală. Criterii de calitate ale secvențelor. Principalele baze de date de proteine: Entrez-proteine, Swiss-Prot și TrEMBL. Annotarea și formatele fișierelor.	Prelegere frontală, suport video	
<b>4. Analiza comparată a secvențelor biologice: alinierea.</b> Similaritatea și omologia secvențelor. Alinierea simplă (perechi de secvențe). Măsurarea similarității. Scheme de scor pentru alinierea proteinelor: matricile de substituție PAM și BLOSUM.	Prelegere frontală, suport video	
<b>5. Alinierea grafică a perechilor de secvențe. Metode de aliniere optimă a perechilor de secvențe.</b> Alinierea „dot plot” (DotPlot și DotLet). Alinierea optimă – programarea dinamică. Alinieri globale și locale ale perechilor de secvențe.	Prelegere frontală, suport video	
<b>6. Interogarea bazelor de date – BLAST și FASTA</b> Scopurile interogării. Interogarea prin metode euristice. Algoritmul BLAST. Programe și servicii BLAST pentru secvențe de aminoacizi și proteine.	Prelegere frontală, suport video	
<b>7. Semnificația alinierii perechilor de secvențe.</b> Criterii biologice. Statistica interogării bazelor de date. Parametrii statistici ai interogării. Interpretarea interogării BLAST.	Prelegere frontală, suport video	
<b>8. Interogarea BLAST avansată.</b> Site-uri și servere BLAST specializate. Ensemble. BLAST iterativ: PSI-BLAST. Interogarea BLAST cu pattern-uri de secvență-PHI-BLAST.	Prelegere frontală, suport video	
<b>9. Alinierea multiplă (MSA).</b> Alinieri multiple globale și locale. Criterii utilizate în construirea alinierilor multiple. Semnificația scorurilor în alinierile multiple. Metode de aliniere multiplă. Alinierea progresivă a secvențelor – Clustal, Clustal Omega	Prelegere frontală, suport video	
<b>10. Bioinformatica exprimării genice.</b> Analiza datelor de exprimare genică (microarray): procesarea datelor, normalizări globale și locale. Semnificatia statistică a datelor. Analiza cluster ierarhică.	Prelegere frontală, suport video	
<b>12. Arbori filogenetici. Introducere în filogenia moleculară.</b> Morfologia și proprietățile arborilor. Arbori cu rădăcină și fără rădăcină. Monofilie, parafilie și polifilie. Filogenia organismelor – filogenia genelor.	Prelegere frontală, suport video	
<b>13. Metode de predicție.</b> Predicția proprietăților acizilor nucleici (structură, temperatură de topire), proteinelor (structură, porțiuni ordonate, neordonate, motive lineare), precizitatea metodelor de predicție	Prelegere frontală, suport video	
<b>14. Metode de analiză in silico.</b> Vizualizarea grafică a macromoleculelor, modelare prin omologie a structurilor proteice și in silico docking.	Prelegere frontală, suport video	
	Prelegere frontală, suport video	
<b>Bibliografie</b> Mount, D. W., 2004, <i>Bioinformatics: Sequence and Genome Analysis, 2<sup>nd</sup> Edition</i> , Cold Spring Harbor Laboratory Press Pevsner, J., 2009, <i>Bioinformatics and functional Genomics</i> , Wiley-Blackwell, New Jersey. Xiong, J., 2006, <i>Essential Bioinformatics</i> , Cambridge Univ. Press, Cambridge.		
8.2 Seminar / laborator	Metode de predare	Observații
1. Bazele de date primare de nucleotide. Colaborarea internațională NCBI/EMBL/DDBJ). Cautarea specifică,	Activitate practică, subgrupe de 2 studenți	

structura fișierelor și interpretarea adnotărilor. Descărcarea informației de secvență.		
2. Căutarea secvențelor specifice în funcție de calea metabolică – resurse DDBJ.	Activitate practică, subgrupe de 2 studenți	
3. Bazele de date de proteine. Utilizarea bazelor de date Uniprot și serviciilor Expasy.	Activitate practică, subgrupe de 2 studenți	
4. Vizualizarea, modificare, inserare de gene cu programul Snapgene.	Activitate practică, subgrupe de 2 studenți	
5. Proiectare de primeri pentru diferite aplicații: amplificare, secvențiere, mutații ale secvențelor de acizi nucleici.	Activitate practică, subgrupe de 2 studenți	
6. Baza de date de structuri proteice –Protein Data Bank	Activitate practică, subgrupe de 2 studenți	
7. Vizualizarea proteinelor (fișiere pdb) cu programul PyMOL.	Activitate practică, subgrupe de 2 studenți	
8. Resurse NCBI de interogare a bazelor de date prin aliniere simplă: pachetul BLAST pentru nucleotide. Setarea MEGABLAST și <i>blastn</i> . Interpretarea interogărilor.	Activitate practică, subgrupe de 2 studenți	
9. Resurse NCBI de interogare a bazelor de date prin aliniere simplă: pachetul BLAST pentru proteine. Setarea <i>blastp</i> și <i>tblastn</i> .	Activitate practică, subgrupe de 2 studenți	
10. Utilizarea serviciului BLAST iterativ: PSI-BLAST	Activitate practică, subgrupe de 2 studenți	
11. Alinierea multiplă cu programul ClustalX. Serviciul ClustalW la EMBL. Interpretarea rezultatelor alinierii.	Activitate practică, subgrupe de 2 studenți	
12. Editarea alinierilor multiple folosind programul MOLSOFT, Bioedit.	Activitate practică, subgrupe de 2 studenți	
13. Arbori filogenetici cu Clustal X, MEGA. Construirea unor arbori pentru proteine (enzima fenilalanin amoniac liaza PAL).	Activitate practică, subgrupe de 2 studenți	
14. Verificarea însușirii deprinderilor practice de aliniere simplă și multiplă, de editare a secvențelor aliniate și de construire a arborilor filogenetici pe baza secvențelor de nucleotide și de aminoacizi.	Seminar frontal. Exerciții pe calculator. Predarea temelor de casă.	
<b>Bibliografie</b> Tutorialele bazelor de date NCBI, EMBL, PDB, UniProt, Expasy și a programelor Snapgene, Pymol, Molsoft, Bioedit (accesare Internet).		

### 9. Coroborarea conținuturilor disciplinei cu așteptările reprezentanților comunității epistemice, asociațiilor profesionale și angajatori reprezentativi din domeniul aferent programului

<ul style="list-style-type: none"> <li>Cursul are un conținut similar cursurilor din alte universități europene și ține cont de nivelul de pregătire al studenților;</li> <li>Cursul și lucrările de laborator sunt fundamentale pentru dezvoltarea competențelor de lucru în laboratoare diverse bazate pe manipularea, prelucrarea și analiza secvențelor nucleotidice și de aminoacizi.</li> </ul>
---

### 10. Evaluare

Tip activitate	10.1 Criterii de evaluare	10.2 metode de evaluare	10.3 Pondere din nota finală
10.4 Curs	Asimilarea conținutului informațional	Examen scris	60%

	Abilitatea utilizării conceptelor/noțiunilor		
10.5 Seminar/laborator	Deprinderi de lucru în manipularea și analiza secvențelor	Evaluarea fiecărei sesiune de laborator; seminar frontal în 2 etape (sapt. 7 și 14) și evaluarea prezentării PP.	40%
	Capacitatea de a explica protocolul de lucru bioinformatic și de a interpreta rezultatele.		
10.6 Standard minim de performanță			
<ul style="list-style-type: none"> <li>• Cunoașterea a 50% din informația conținută în curs;</li> <li>• Dobândirea a 50% din abilitățile analitice practice.</li> </ul>			

Data completării

Semnătura titularului de curs

Semnătura titularului de seminar

15.04.2022




Data avizării în departament  
22.04.2022

Semnătura directorului de departament  
Acad. Prof. Dr. Cristian Silvestru

