

**FIȘA DISCIPLINEI
BIOINFORMATICĂ
AN UNIV. 2019-2020**

1. Date despre program

1.1 Instituția de învățământ superior	Universitatea Babeș-Bolyai
1.2 Facultatea	Biologie și Geologie
1.3 Departamentul	Biologie moleculară și Biotehnologie
1.4 Domeniul de studii	Biologie
1.5 Ciclul de studii	2 ani, cu frecvență
1.6 Programul de studiu / Calificarea	Master/ Biotehnologie moleculara/ Master/ Biologie medicala/ biolog

2. Date despre disciplină

2.1 Denumirea disciplinei	Bioinformatică (BMR1103)						
2.2 Titularul activităților de curs	Prof. Dr. Horia Banciu						
2.3 Titularul activităților de seminar	Prof. Dr. Horia Banciu						
2.4 Anul de studiu	1	2.5 Semestrul	1	2.6. Tipul de evaluare	E	2.7 Regimul disciplinei	O

O – Obligatorie; E - Examen

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

3.1 Număr de ore pe săptămână	3	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					50
Documentare suplimentară în bibliotecă, pe platformele electronice de specialitate și pe teren					10
Pregătire seminarii/laboratoare, teme, referate, portofolii și eseuri					20
Tutoriat					14
Examinări					4
Alte activități:					
3.7 Total ore studiu individual	98				
3.8 Total ore pe semestru	154				
3.9 Numărul de credite	6				

4. Precondiții (acolo unde este cazul)

4.1 de curriculum	• Genetica, Biologie celulara si moleculara, Biochimie.	
4.2 de competențe	• Utilizarea bazelor de date biologice	

5. Condiții (acolo unde este cazul)

5.1 De desfășurare a cursului	• Suport logistic video	
5.2 De desfășurare a seminarului/laboratorului	• Participarea la minim 80% din totalul seminariilor este condiție pentru participarea la examenul scris	

6. Competențele specifice acumulate

Competențe profesionale	<ul style="list-style-type: none"> • Dobândirea capacității de a aborda (gândi) structura și funcția macromoleculor în termeni de secvențe biologice (nucleotidice și proteice) și de a utiliza terminologia și metodele analitice ale bioinformaticii. • Formarea unor deprinderi practice de utilizare a bazelor de date de secvență și de analiză bioinformatică a secvențelor prin utilizarea unor programe specifice; • Formarea deprinderii de a interpreta sintetic informațiile științifice de ultima ora din domeniul Biologiei și biochimiei moleculare, Ingineriei genetice.
Competențe transversale	<ul style="list-style-type: none"> • Însușirea cunoștințelor teoretice de bază pentru abordarea unor cercetări avansate din domeniul Bioinformaticii, Ingineriei genetice, Nanomedicinei, Biotehnologiilor moleculare. • Dezvoltarea capacităților de a lucra atât independent, cât și în echipă.

7. Obiectivele disciplinei (reieșind din grila competențelor acumulate)

7.1 Obiectivul general al disciplinei	<ul style="list-style-type: none"> • Asimilarea cunoștințelor de bază referitoare la stocarea, accesarea și analiza secvențelor biologice (de nucleotide și de aminoacizi) utile în domeniile de cercetare aplicativă.
7.2 Obiectivele specifice	<ul style="list-style-type: none"> • Însușirea principiilor metodologice și a principalelor tehnici de prelucrare computerizată a secvențelor de acizi nucleici și aminoacizi; • Însușirea cunoștințelor teoretice privind problemele din cercetarea biologică care pot fi rezolvate cu ajutorul instrumentelor bioinformatic; • Însușirea cunoștințelor teoretice privind aplicabilitatea practică a analizei bioinformatic, a utilizării bazelor de date pentru secvențe de acizi nucleici și proteine.

8. Conținuturi

8.1 Curs	Metode de predare	Observații
1. Ce este bioinformatica ? Domenii de aplicabilitate. Abordarea reduționistă în biologie. Dogma centrală a bioinformaticii. Necesitatea bioinformaticii. Conținutul bioinformaticii. Relația bioinformaticii cu alte discipline ale biologiei. Dezvoltarea bioinformaticii.	Prelegere frontală	2 ore; Bibliografie (2) și (3)
2. Introducere în Internet; resurse pentru biologia moleculară. Ce este și cum a apărut Internetul ? Arhitectura client-server. Identificarea neambiguă a calculatoarelor. Protocoale de comunicare. Protocoale ale aplicațiilor Internet. Biblioteci virtuale și motoare de căutare. Biblioteci virtuale de biologie moleculară.	Prelegere frontală	2 ore; Bibliografie (1).
3. Bazele de date în biologia moleculară. Bazele de date de secvențe nucleotidice. Clasificarea bazelor de date. Apariția și evoluția bazelor de date. Bazele de date de literatură. PubMed. Natura secvențelor biologice. Coduri FASTA. Baze de date primare de secvențe nucleotidice. Tipuri de secvențe depozitate. Colaborarea Internațională EMBL/GenBank/ DDBJ. Anotarea secvențelor și formatele fișierelor. Bazele de date	Prelegere frontală	2 ore; Bibliografie (2) și (3), resurse (pagini) web (4.1.)

genomice.		
4. Bazele de date de secvențe de aminoacizi (proteine). Introducere în grafica moleculară. Sursele secvențelor de aminoacizi; traducerea conceptuală. Criterii de calitate ale secvențelor. Principalele baze de date de proteine: Entrez-proteine, Swiss-Prot și TrEMBL. Adnotarea și formatele fișierelor. Baze de date secundare. Clasificarea funcțională a proteinelor: baza de date GOGs. Baze de date de structuri 3D; fișiere pdb. Vizualizarea 3D a moleculelor: grafica moleculară. Programe de vizualizare 3D.	Prelegere frontală	2 ore; Bibliografie (2) și (3), resurse (pagini) web (4.2.)
5. Bazele de date de secvențe genomice complete. Bazele de date ale genomurilor procariote (Archaea și Bacteria). Bazele de date ale genomurilor eucariote: fungi, protozoare, plante și vertebrate. Genomul uman. Instrumente de accesare a genomului uman.	Prelegere frontală	2 ore; Bibliografie (2)
6. Analiza comparată a secvențelor biologice: alinierea. Similaritatea și omologia secvențelor. Alinierea simplă (perechi de secvențe). Măsurarea similarității. Scheme de scor. Mutatii punctiforme acceptate. Scheme de scor pentru alinierea proteinelor: matricile de substituție PAM și BLOSUM. Aprecierea prin scor a breșelor.	Prelegere frontală	2 ore; Bibliografie (2) și (3)
7. Alinierea grafică a perechilor de secvențe. Metode de aliniere optimă a perechilor de secvențe. Alinierea „dot plot” (DotPlot și DotLet). Alinierea optimă – programarea dinamică. Alinieri globale semiglobale și locale ale perechilor de secvențe.	Prelegere frontală	2 ore; Bibliografie (2).
8. Interogarea bazelor de date – BLAST și FASTA Scopurile interogării. Principiu și dificultăți. Interogarea prin metode euristice. Algoritmul BLAST. Programe și servicii BLAST pentru secvențe de aminoacizi și proteine. Algoritmul FASTA. Programe și servicii FASTA.	Prelegere frontală	2 ore; Bibliografie (2) și (3), resurse (pagini) web (4.3.)
9. Semnificația alinierii perechilor de secvențe. Metode empirice și statistice. Criterii biologice. Statistica interogării bazelor de date. Distribuția scorurilor. Parametrii statistici ai interogării. Interpretarea interogării BLAST pe baza parametrilor statistici.	Prelegere frontală	2 ore; Bibliografie (2).
10. Interogarea BLAST avansată. Site-uri și servere BLAST specializate. Ensemble. BLAST iterativ: PSI-BLAST. Interogarea BLAST cu pattern-uri de secvență-PHI-BLAST. Utilizarea BLAST în investigarea genomurilor. Identificarea (descoperirea) secvențelor genice.	Prelegere frontală	2 ore; Bibliografie (2).
11. Alinierea multiplă (MSA). Utilitatea alinierilor multiple. Alinieri multiple globale și locale. Criterii utilizate în construirea alinierilor multiple. Semnificația scorurilor în alinierea multiple. Metode de aliniere multiplă. Alinierea progresivă a secvențelor – Clustal. Similaritate versus distanță. Ghid de interpretare a	Prelegere frontală	2 ore; Bibliografie (2) și (3), resurse (pagini) web (4.4.)

alinierilor multiple. Aplicațiile MSA. Clasificarea proteinelor. Bazele de date de alinieri multiple.		
12. Bioinformatica exprimării genice. Analiza datelor de exprimare genică (microarray): procesarea datelor, normalizări globale și locale. Semnificatia statistică a datelor. Analiza cluster ierarhică. Adnotarea și vizualizarea datelor de exprimare genică.		2 ore; Bibliografie (2).
13. Arbori filogenetici. Introducere în filogenia moleculară. Arbori filogenetici: morfologia și proprietățile arborilor. Arborele ideal și problema clasificării arborilor. Arbori cu rădăcină și fără rădăcină. Politomia. Reconstrucția istoriei caracterelor – terminologie. Monofilie, parafilie și polifilie. Filogenia organismelor – filogenia genelor.		2 ore; Bibliografie (2) și (3).
14. Inferența filogenetică (construcția/reconstrucția arborilor filogenetici). Clasificarea metodelor de inferență filogenetică. Metoda UPGMA. Metoda “neighbour joining” (NJ). Metoda parcimoniei maxime. Metoda verosimilității maxime (“maximum likelihood” – ML). Testarea arborilor filogenetici.		2 ore; Bibliografie (2) și (3).
Bibliografie ((1) Brown, S.M., 2000, <i>Bioinformatics: A Biologist's Guide to Biocomputing and the Internet</i> , Eaton Publ., New York. (2) Pevsner, J., 2003, <i>Bioinformatics and functional Genomics</i> , Wiley-Liss, New Jersey. (3) Xiong, J., 2006, <i>Essential Bioinformatics</i> , Cambridge Univ. Press, Cambridge. (4) Resurse web: (4.1.) http://www.ncbi.nlm.nih.gov/entrez/query.fcgi?db=pubmed&cmd=search&term= http://www.ncbi.nlm.nih.gov/Genbank/index.html http://www.ddbj.nig.ac.jp/ http://www.ebi.ac.uk/embl/ (4.2.) http://www.ncbi.nlm.nih.gov/entrez/query.fcgi?db=protein&cmd=search&term= http://www.ebi.ac.uk/Databases/protein.html http://expasy.ch/sprot/ http://www.rcsb.org/pdb/home/home.do (4.3.) http://www.ncbi.nlm.nih.gov/BLAST/ http://fasta.bioch.virginia.edu/fasta_www2/fasta_list2.shtml (4.4.) http://Pfam.wustl.edu http://www.ncbi.nlm.nih.gov/Structure/cdd/cdd.shtml		
8.2 Seminar / laborator	Metode de predare	Observații
1. Documentarea în biologia moleculară folosind resursele Internet (Pubmed și OMIM). Construirea unei baze de date de literatură proprii folosind programul Reference Manager.	Seminar-frontal și lucrul pe subgrupe de 2 studenți/unitate calculator (lucru pe echipe)	2 ore

2. Bazele de date primare de nucleotide. Colaborarea internațională NCBI/EMBL/DDBJ. Cautarea specifică, structura fișierelor și interpretarea adnotărilor. Descărcarea informației de secvență.	Seminar-frontal și lucrul pe subgrupe de 2 studenți/unitate calculator (lucru pe echipe)	2 ore
3. Căutarea secvențelor specifice în funcție de calea metabolică – resurse DDBJ.	Seminar-frontal și lucrul pe subgrupe de 2 studenți/unitate calculator (lucru pe echipe)	2 ore
4. Simularea unei depuneri de secvență la GenBank cu programul Sequin.	Seminar-frontal și lucrul pe subgrupe de 2 studenți/unitate calculator (lucru pe echipe)	2 ore
5. Bazele de date de proteine. Utilizarea serviciilor Swissprot.	Seminar-frontal și lucrul pe subgrupe de 2 studenți/unitate calculator (lucru pe echipe)	2 ore
6. Vizualizarea structurii 3D a proteinelor, acizilor nucleici și a complexelor macromoleculare (fișiere pdb) cu Vector NTI și RasTop.	Seminar-frontal și lucrul pe subgrupe de 2 studenți/unitate calculator (lucru pe echipe)	2 ore
7. Verificarea însușirii deprinderilor practice de utilizare a bazelor de date și serviciilor acestora. Prezentarea individuală, de către fiecare student, a unei baze de date selectate din revista NAR (Ianuarie 2010).	Seminar-frontal și lucrul pe subgrupe de 2 studenți/unitate calculator (lucru pe echipe)	2 ore
8. Resurse NCBI de interogare a bazelor de date prin aliniere simplă: pachetul BLAST pentru nucleotide. Setarea MEGABLAST și blastn. Interpretarea interogărilor.	Seminar-frontal și lucrul pe subgrupe de 2 studenți/unitate calculator (lucru pe echipe)	2 ore
9. Resurse NCBI de interogare a bazelor de date prin aliniere simplă: pachetul BLAST pentru proteine. Setarea blastp și tblastn.	Seminar-frontal și lucrul pe subgrupe de 2 studenți/unitate calculator (lucru pe echipe)	2 ore
10. Utilizarea serviciului BLAST iterativ: PSI-BLAST	Seminar-frontal și lucrul pe subgrupe de 2 studenți/unitate calculator (lucru pe echipe)	2 ore
11. Alinierea multiplă cu programul ClustalX. Serviciul ClustalW la EMBL. Interpretarea rezultatelor alinierii.	Seminar-frontal și lucrul pe subgrupe de 2 studenți/unitate calculator (lucru pe echipe)	2 ore
12. Editarea alinierilor multiple folosind programul BioEdit.	Seminar-frontal și lucrul pe subgrupe de 2 studenți/unitate calculator (lucru pe echipe)	2 ore
13. Arbori filogenetici cu Clustal X și PAUP. Construirea unor arbori pe baza secvențelor ARNr/ADNr 16 S, respectiv proteine (proteina de diviziune celulară FtsZ).	Seminar-frontal și lucrul pe subgrupe de 2 studenți/unitate calculator (lucru pe echipe)	2 ore
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.	Colocviu practic	2 ore

Bibliografie

(1) Jurnale stiintifice de specialitate ce pot fi accesate din baze de date abonate și care pot fi accesate prin filialele Bibliotecii Centrale Universitare „Lucian Blaga”.

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

- Cursul are un conținut similar cursurilor din alte universități europene și ține cont de nivelul de pregătire al studenților
- Cursul asigură dezvoltarea competențelor de sinteză și interpretare a informațiilor științifice de ultima oră din domeniul Bioinformaticii.

10. Evaluare

Tip activitate	10.1 Criterii de evaluare	10.2 metode de evaluare	10.3 Pondere din nota finală
10.4 Curs	Cunoașterea conținutului informațional	Examen	50 %
10.5 Seminar/laborator	Aplicarea corectă a instrumentelor bioinformaticice	Colocviu practic	25 %
	Modul de redare și sinteza a informației științifice	Evaluarea portofoliului de teme de lucru indicate pe parcursul sedintelor de curs	25%
10.6 Standard minim de performanță			
<ul style="list-style-type: none"> • Cunoașterea a 50% din informația conținută în curs • Implicarea de cel puțin 50% în activitățile de seminar. 			

Data completării

25.09.2019

Semnătura titularului de curs

Prof. Dr. Horia BANCIU

Semnătura titularului de seminar

Prof. Dr. Horia BANCIU

Data avizării în departament

27.09.2019

Semnătura directorului de departament

Conf. Dr. Beatrice Kelemen