

FIȘA DISCIPLINEI

BIOINFORMATICĂ INTEGRATIVĂ

AN UNIV. 2023-2024

1. Date despre program

1.1 Instituția de învățământ superior	Universitatea Babeș-Bolyai Cluj-Napoca
1.2 Facultatea	Facultatea de Biologie și Geologie
1.3 Departamentul	Școala Doctorală de Biologie Integrativă
1.4 Domeniul de studii	Biologie
1.5 Ciclul de studii	Doctorat, 3 ani
1.6 Programul de studiu / Calificarea	Doctorat în Biologie/ Biolog

2. Date despre disciplină

2.1 Denumirea disciplinei (ro) (en)	Bioinformatică integrativă Integrative bioinformatics						
2.2 Titularul activităților de curs	CS I dr. <i>Habil.</i> Cojocaru Vlad Prof. dr. <i>Habil.</i> Banciu Horia						
2.3 Titularul activităților de seminar	CS I dr. <i>Habil.</i> Cojocaru Vlad Prof. dr. <i>Habil.</i> Banciu Horia						
2.4 Anul de studiu	1	2.5 Semestrul	1	2.6. Tipul de evaluare	E	2.7 Regimul disciplinei	O
2.8 Codul disciplinei							

E – Examen: O – Opțională.

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

3.1 Număr de ore pe săptămână	4	Din care: 3.2 curs	1	3.3 seminar/laborator	3
3.4 Total ore din planul de învățământ	48	Din care: 3.5 curs	12	3.6 seminar/laborator	36
Distribuția fondului de timp:					ore
Studiul după manual, suport de curs, bibliografie și notițe					60
Documentare suplimentară în bibliotecă, pe platformele electronice de specialitate și pe teren					44
Pregătire seminarii/laboratoare, teme, referate, portofolii și eseuri					50
Tutoriat					46
Examinări					4
Alte activități:					-
3.7 Total ore studiu individual	204				
3.8 Total ore pe semestru	252				
3.9 Numărul de credite	10				

4. Precondiții (acolo unde este cazul)

4.1 De curriculum	<ul style="list-style-type: none">Genetică, Biochimie, Biofizică, Biologie celulară și moleculară
4.2 De competențe	<ul style="list-style-type: none">Abilități de utilizare a calculatorului

5. Condiții (acolo unde este cazul)

5.1 De desfășurare a cursului	<ul style="list-style-type: none"> • Videoproiector; tablă didactică • Conexiune la internet; platformă de comunicare online
5.2 De desfășurare a seminarului/laboratorului	<ul style="list-style-type: none"> • Participarea la 100% dintre activitățile de seminar/ laborator. • Calculatoare, medii specifice de dezvoltare și implementare

6. Competențele specifice acumulate

Competențe profesionale Capacitatea de a utiliza Linux și interfețe de	<ol style="list-style-type: none"> 1. Capacitatea de a utiliza Linux și interfețe de linii de comandă în științele vieții; 2. Dezvoltarea capacității de a genera, integra și analiza date de secvență pentru științele vieții; 3. Capacitatea de a utiliza baze de date bioinformatică, instrumente de predicție, analiză și vizualizare pentru a modela și prezice structurile proteinelor și complexelor proteino-acid nucleici; 4. Capacitatea de a utiliza metode de bază pentru simulări de dinamică moleculară; 5. Abilitatea de a utiliza baze de date bioinformatică, instrumente de predicție, analiză și vizualizare pentru a deduce diversitatea și funcționalitatea comunităților microbiene din ecosistemele naturale; 6. Dezvoltarea capacității de analiză, sinteză și comunicare a informațiilor științifice de specialitate
Competențe transversale	<ol style="list-style-type: none"> 1. Obținerea informațiilor necesare pentru a finaliza o teză de doctorat în domeniul Biologie în care generarea, prelucrarea și analiza datelor de secvență este centrală. 2. Realizarea unui proiect de cercetare cu tot ceea ce presupune utilizarea unor concepte specifice, selectarea și aplicarea metodelor de studiu, interpretarea datelor și comunicarea rezultatelor.

7. Obiectivele disciplinei (reieșind din grila competențelor acumulate)

7.1 Obiectivul general al disciplinei	<ul style="list-style-type: none"> • Dobândirea de cunoștințe privind structura și dinamica proteinelor, acizilor nucleici și a altor macromolecule biologice, precum și diversitatea și rolurile ecologice ale comunităților microbiene folosind baze de date și metode dedicate de predicție, analiză și vizualizare.
7.2 Obiectivele specifice	<ul style="list-style-type: none"> • Dezvoltarea capacității de a analiza și interpreta structurile biomoleculilor și de a asocia structurile cu funcția lor biologică; • Dezvoltarea abilităților de a urma o abordare interdisciplinară pentru studiul biomoleculilor; • Înțelegerea principiilor de generare masivă a datelor de secvență prin NGS și a procesării acestora; • Utilizarea principalelor strategii bioinformatică pentru predicția, modelarea, analiza și vizualizarea diversității comunităților microbiene și a funcțiilor lor ecologice. • Dezvoltarea abilităților de a sintetiza și disemina literatura științifică în bioinformatica structurală și de mediu.

8. Conținut

8.1 Curs	Metode de predare <i>Predare în sistem hibrid) onsite (40%) și online (60%)</i>	Observații
-----------------	--	------------

Bioinformatică structurală (partea I) Introducere în Linux	Expunerea interactivă Prezentarea	6 ore
Bioinformatică structurală (partea II) Vizualizarea și analiza structurilor biomoleculare (ex. proteine, acizi nucleici)	Explicarea Exemple practice Discuții pe studii de caz	
Bioinformatică structurală (partea III) Modelare moleculară (predicții de structură biomoleculară, design bazat pe structură biomoleculară)		
Bioinformatică structurală (partea IV) Docare moleculara si simularea dinamicii moleculare.		
Bioinformatica ambientală (partea I) 1. Filogenie și design de sonde (ARB-SILVA) 1.a. Secvențe de gene ARNr 16S. Asamblare de secvențe 16S de lungime completă din mai multe secvențe. Îndepărtarea amorselor și verificarea himerelor. 1.b. Introducere în ARB. Importul de fișiere fasta în ARB. Generarea de nume de fișiere unice. Alinierea secvențelor față de cele din baza de date SILVA. Verificarea manuală și corectarea alinierii. 1.c. Adăugarea de secvențe aliniat în arborele ARB. Calcularea arborilor filogenetici. Valorile bootstrap. Alegerea secvențelor de rădăcină. Design de arbore și exportul acestuia în formate uzuale. 1.d. Introducere în instrumentul de design al sondelor în ARB. Design de sonde oligonucleotidice. Criterii pentru selecția sondei și testarea <i>in silico</i> .		6 ore
Bioinformatica ambientală (partea II) 2. Amprentarea comunităților microbiene prin secvențierea ampliconilor (Illumina) 2.a. Modul de lucru cu date brute -reads (fișiere fastq). Procesarea secvenței: îndepărtarea primerului/adaptorului (cutadapt, BBDMap, Illumina bcl2fastq). Împerecherea secvențelor procesate (BBMerge), filtrarea calității (USEARCH, QIIME2), eliminarea himerelor (USEARCH, QIIME2) și dereplicarea (USEARCH, QIIME2). 2.b. Gruparea OTU/ASV a citirilor procesate. Lucrul cu programele DADA2 R, SWARM, MetaAmp sau QIIME2. Anotarea taxonomică a OTU/ASV-urilor pe baza instrumentului SilvaNGS. Generarea de diagrame Krona.		
Bioinformatica ambientală (partea III) 3. Metagenomică 3.a. Controlul calității datelor brute. Decuparea adaptorului. Îmbinarea citirilor neîmperecheate într-un singur fișier. Trimmomatic, BBduk 3.b. Asamblarea de genomuri din datele metagenomice (Spades). Evaluarea genomurilor		

<p>asamblate din metagenomuri (MetaQuast). Extragerea 16S din contiguri (rnammer), detectarea himerelor (uchime). Predicția genelor (PRODIGAL). Alinierea BLAST cu secvențele din baze de date personalizate pentru căutarea unor gene/proteine specifice. 3.c. Binning (MetaBAT sau MaxBin). Completitudinea și contaminarea MAG-urilor, stabilirea criteriile de selecție (CheckM). Cartarea citirilor (reads) față de MAG-uri pentru a estima abundența citirilor (Bowtie, BBmap). Predicția genelor (PRODIGAL), adnotarea genelor/enzimelor prezise (KEGG, Pfam, COG). 3.d. Folosirea CheckM și BUSCO și GTDBTK pentru taxonomia genomului, ANI și AAI pentru compararea genomurilor.</p>		
<p>Bibliografie</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. Keith J.M., Bioinformatics. Vol. 1: Data, sequence analysis, and evolution. New York : Humana Press, 2017.. In: Bioinformatics, vol. Vol. 1 2. Keith J.M., Bioinformatics. Vol. 2: Structure, function, and applications. New York : Humana Press, 2017.. In: Bioinformatics, vol. Vol. 2, 3. Leach, A.R. Molecular modelling: principles and applications. Pearson education.2001. 4. Pevzner P., Bioinformatics for biologists. Cambridge ; New York : Cambridge University Press, 2013 5. Stryer L., Biochemistry. New York : W. H. Freeman and Company, 1995\ 6. Schlick T., Molecular modeling and simulation : an interdisciplinary guide. New York, Springer, 2010. 7. Xiong J., Essential bioinformatics. New York : Cambridge University Press, 2006 <p>Titlurile (1-2, 4-5, 7) sunt disponibile în formă printată la bibliotecile Facultății de Biologie și Geologie. Titlul (3) va fi pus la dispoziția studenților de către titular. Titlul (6) este disponibil sub forma printată la biblioteca Facultății de Chimie și Inginerie Chimică.</p>		
<p>8.2 Seminar / laborator</p>	<p>Metode de predare <i>Predare în sistem hibrid) onsite (50%) și online (50%)</i></p>	<p>Observații</p>
<p>Studii de caz și exerciții de bioinformatică structurală (Modelarea structurilor tridimensionale ale biomacromoleculilor; Compararea structurilor 3D; Modelarea și vizualizarea dinamicii moleculare; Validarea, integrarea și compararea datelor)</p>	<ul style="list-style-type: none"> • Expunerea interactivă • Explicarea • Conversația • Studiu de caz 	<p>18 ore</p>
<p>Studii de caz și exerciții de filogenie și design de sonde oligonucleotidice, amprentare la nivel de comunitate prin secvențierea ampliconilor și metagenomică</p>		<p>18 ore</p>
<p>Prezentarea sintetică a unui articol științific relevant</p>		
<p>Evaluare finală a unui proiect individual de bioinformatică structurală sau ambientală.</p>	<ul style="list-style-type: none"> • Evaluarea 	
<p>Bibliografie</p> <p>Colecție de articole științifice disponibilă în format digitalizat la bibliotecile filiale ale Bibliotecii Centrale Universitare „Lucian Blaga”, Cluj-Napoca.</p>		

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

- Cursul permite achiziția unor competențe teoretice și practice necesare pentru o muncă de echipă în domeniul de cercetare-dezvoltare din entități academice, dar și în unități R&D din companii private.
- Cursul este prezent în curricula specializărilor similare la Universități din Statele Unite și Europa.

10. Evaluare

Tip activitate	10.1 Criterii de evaluare	10.2 metode de evaluare	10.3 Pondere din nota/calificativul finală
10.1 Curs	Cunoașterea conceptelor și metodelor din tematica cursului	Examen scris (test combinat)	40%
10.2 Seminar/laborator	Prezentarea sintetică a unui articol științific relevant	Colocviu oral	20%
	Proiect individual de bioinformatică structurală		40%
10.3 Standard minim de performanță			
Fiecare student trebuie să obțină un calificativ minim de „SUFICIENT” la examenul scris și colocviul oral (calificativele posibile sunt: INSUFICIENT / SUFICIENT / BINE / FOARTE BINE. Pentru a obține calificativul SUFICIENT studentul trebuie să demonstreze însușirea conceptelor de bază din tematica cursului și lucrărilor practice.			

Data completării	Semnătura titularului de curs	Semnătura titularului de seminar
28.03.2023	CS I dr. <i>Habil.</i> COJOCARU Vlad	CS I Dr. <i>Habil.</i> COJOCARU Vlad
	Prof. dr. <i>Habil.</i> BANCIU Horia	Prof. dr. <i>Habil.</i> BANCIU Horia
Data avizării în departament	Semnătura directorului de departament	
29.03.2023	Prof. dr. <i>Habil.</i> PAP Peter Laszlo	