

FIȘA DISCIPLINEI
INTRODUCERE ÎN BIOINFORMATICĂ
AN UNIV. 2021-2022

1. Date despre program

1.1 Instituția de învățământ superior	Universitatea Babes-Bolyai
1.2 Facultatea	Biologie si Geologie
1.3 Departamentul	Biologie moleculară și Biotehnologie
1.4 Domeniul de studii	Biologie
1.5 Ciclul de studii	3 ani, cu frecvență
1.6 Programul de studiu / Calificarea	Biochimie/ Licentiat in biologie

2. Date despre disciplină

2.1 Denumirea disciplinei		Introducere în bioinformatică (BLR2404)							
2.2 Titularul activităților de curs				Prof. Dr. Horia Banciu					
2.3 Titularul activităților de seminar				Șef Lucr. Dr. Andreea Baricz					
2.4 Anul de studiu	2	2.5 Semestrul	4	2.6. Tipul de evaluare	C	2.7 Regimul disciplinei	O		

C –colocviu; O –(disciplina) obligatorie.

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

3.1 Număr de ore pe săptămână	2	Din care: 3.2 curs	1	3.3 seminar/laborator	1
3.4 Total ore din planul de învățământ	28	Din care: 3.5 curs	14	3.6 seminar/laborator	14
Distribuția fondului de timp:					ore
Studiul după manual, suport de curs, bibliografie și notițe					12
Documentare suplimentară în bibliotecă, pe platformele electronice de specialitate și pe teren					6
Pregătire seminarii/laboratoare, teme, referate, portofolii și eseuri					6
Tutoriat					2
Examinări					2
Alte activități:					
3.7 Total ore studiu individual	28				
3.8 Total ore pe semestru	56				
3.9 Numărul de credite	2				

4. Precondiții (acolo unde este cazul)

4.1 de curriculum	• Biologie celulară și moleculară, Genetică, Biochimie structurală și metabolică
4.2 de competențe	• Utilizarea calculatorului • Intocmirea referatelor bibliografice

5. Condiții (acolo unde este cazul)

5.1 De desfășurare a cursului	• Platformă de comunicare online MS Teams • Suport logistic video
5.2 De desfășurare a seminarului/laboratorului	• Participarea la minim 90% din lucrările de laborator este condiție pentru participarea la examen

6. Competențele specifice acumulate

Competențe profesionale	- Înțelegerea noțiunii de informație biologică, modul de organizare și procesare al acesteia. - Abordarea proceselor vieții la nivel de secvență biologică. - Obținerea unor deprinderi practice de utilizare a bazelor de date de secvențe și de analiză bioinformatică a acestora prin utilizarea unor programe specifice.
Competențe transversale	- Insușirea informațiilor necesare pentru identificarea de regiuni conservate din structura proteinelor și pentru efectuarea de analize filogenetice, competențe care vor facilita asimilarea de cunoștințe de biologia dezvoltării, evoluționism, imunobiologie. - Utilizarea informațiilor dobândite pentru redactarea de referate, protocoale de lucru și lucrări științifice.

7. Obiectivele disciplinei (reieșind din grila competențelor acumulate)

7.1 Obiectivul general al disciplinei	Asimilarea cunoștințelor de bază referitoare la stocarea, accesarea și analiza secvențelor biologice (de nucleotide și de aminoacizi).
7.2 Obiectivele specifice	- Înțelegerea modului de organizare al informației biologice în baze de date publice. - Procesarea informației biologice cu ajutorul platformelor online și al soft-urilor specifice. - Interpretarea rezultatelor obținute în urma analizei filogenetice a secvențelor. - Dobândirea abilității de predicție a funcțiilor și proceselor viului pe baza secvențelor biologice.

8. Conținuturi

8.1 Curs	Metode de predare	Observații
1. Ce este bioinformatica ? Conceptele bioinformaticii. Dogma centrală a bioinformaticii. Principiul predicției în bioinformatică. Abordarea reduționistă și holistă în biologie. Necesitatea bioinformaticii.	Prelegere frontală în platforma MS Teams; discuția, explicația.	
2. Secvențierea. Principiile secvențierii Sanger, a secvențierii de sinteză (NGS) și de generația a treia (Nanopore)	Prelegere frontală în platforma MS Teams; discuția, explicația.	
3. Baze de date în biologia moleculară. Sumară caracterizare a bazelor de date biologice. Modalități de clasificare a bazelor de date. Apariția și cerințele unei baze de date. Baze de date primare de secvențe Tipuri de adnotare a secvențelor în funcție de baza de date de proveniență. Caracteristicile unui fișier FASTA.	Prelegere frontală în platforma MS Teams; discuția, explicația.	
4. Analiza secvențelor biologice: alinierea simplă. Similaritatea și omologia secvențelor. Parametrii care definesc compararea secvențelor (expectanța, scorul de aliniere, procentul de identitate). Alinierea simplă (perechi de secvențe) globală (Needleman Wunsch) și locală (Smith Waterman). Introducerea conceptului programării dinamice. Matrici de scor pentru alinierea proteinelor: matricile PAM și BLOSUM. Aprecierea prin scor a breșelor. Alinierea grafică a perechilor de secvențe – Dotlet și Dot-plot.	Prelegere frontală în platforma MS Teams; discuția, explicația.	

5. Interogarea bazelor de date – BLAST. Scopurile interogării. Principiu și dificultăți. Interogarea prin metode euristice. Algoritmul BLAST. Programe și servicii BLAST pentru secvențe de aminoacizi și proteine. Semnificația interogării. Statistica BLAST. Interpretarea interogării BLAST.	Prelegere frontală în platforma MS Teams; discuția, explicația.	
6. Alinierea multiplă a secvențelor. Caracteristicile alinierilor multiple de secvențe nucleotidice și proteice. Softuri de efectuare și editare a alinierilor multiple. Rolul informațional al alinierilor multiple în predicția funcțiilor și proceselor biologice.	Prelegere frontală în platforma MS Teams; discuția, explicația.	
7. Analiza filogenetică și arborii filogenetici. Etimologie. Morfologia și proprietățile arborilor. Arborele ideal și problema clasificării arborilor. Arbori cu rădăcină și fără rădăcină. Reconstrucția istoriei caracterelor. Construcția arborilor filogenetici: metode de inferență filogenetică.	Prelegere frontală în platforma MS Teams; discuția, explicația.	

Bibliografie

1. Xiong, J., 2006, *Essential Bioinformatics*, Cambridge Univ. Press, Cambridge.
2. Brown, S.M., 2000, *Bioinformatics: A Biologist's Guide to Biocomputing and the Internet*, Eaton Publ., New York.
3. <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/>
<http://www.ebi.ac.uk/>
<http://www.ddbj.nig.ac.jp/>
<http://www.uniprot.org/help/uniprotkb>
<http://www.rcsb.org/pdb/home/home.do>
<http://pfam.sanger.ac.uk/>
<http://blocks.fhrc.org/help/>
<http://prosite.expasy.org/>
<http://www.genome.jp/kegg/>
<http://www.genomesonline.org/cgi-bin/GOLD/index.cgi>
<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/BLAST/>

8.2 Seminar / laborator	Metode de predare	Observații
1. Tipuri de fișiere rezultate în urma secvențierii. Curățarea secvențelor în MEGA Fișiere FASTA, Genbank, Genpept. Explorare baze de date.	Activitate practică online pe platforma MS Teams	
2. Alinierea locală și globală, simplă și multiplă (EMBL-EBI).	Activitate practică online pe platforma MS Teams	
3. Algoritmul BLAST.	Activitate practică online pe platforma MS Teams	
4. Arbori filogenetici cu algoritmi clasici UPGMA și NJ folosind softul MEGA.	Activitate practică online pe platforma MS Teams	
5. Design de amorse cu PrimerBlast și verificare cu OligoEvaluator.	Activitate practică online pe platforma MS Teams	
6. Aplicații pe studii de caz (4 ore): Investigarea relației filogenetice dintre SIV și HIV, descoperirea mutațiilor punctiforme implicate în apariția rezistenței la antibiotice.	Activitate practică, subgrupe de 2-3 studenți	

Bibliografie

Colecția de baze de date publice de secvențe biologice și programele bioinformatică care pot fi accesate și decărcate gratuit de pe internet.

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 este fundamental pentru înțelegerea modului de prelucrare și interpretare a informației biologice.

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	Colocviu (test scris) online în platforma MS Teams	50%
	Abilitatea utilizării conceptelor/noțiunilor	Evaluarea portofoliului de teme alocate pentru fiecare curs (10 teme)	10%
10.5 Seminar/laborator	Deprinderi de lucru în accesarea informațiilor din bazele de date publice de secvențe	Seminar frontal (final) online în platforma MS Teams	50%
	Analiza și interpretarea informației biologice de tipul secvențelor de nucleotide și aminoacizi.		
10.6 Standard minim de performanță			
• Cunoașterea a 50% din informația conținută în curs • Rezolvarea a minim jumătate din temele atribuite la curs • Cunoașterea a 50% din informația de la laborator			

Data completării

Semnătura titularului de curs

Semnătura titularului de seminar

15.02.2021

Data avizării în departament

Semnătura directorului de departament

15.02.2021