

FIȘA DISCIPLINEI

1. Date despre program

1.1 Instituția de învățământ superior	Univ. Babeș-Bolyai, Cluj-Napoca
1.2 Facultatea	Fac. Biologie și Geologie
1.3 Departamentul	Departamentul de Biologie și Ecologie al Liniei Maghiare
1.4 Domeniul de studii	Biologie
1.5 Ciclul de studii	Master
1.6 Programul de studiu / Calificarea	Ecologie terestră și acvatică (lb. maghiară)

2. Date despre disciplină

2.1 Denumirea disciplinei	Bioinformatică						
2.2 Titularul activităților de curs	Șef lucrări dr Kósa Ferenc						
2.3 Titularul activităților de seminar	Șef lucrări dr Kósa Ferenc						
2.4 Anul de studiu	V	2.5 Semestrul	1	2.6. Tipul de evaluare	Examen	2.7 Regimul disciplinei	obligatorie

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	154	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					42
Documentare suplimentară în bibliotecă, pe platformele electronice de specialitate și pe teren					30
Pregătire seminarii/laboratoare, teme, referate, portofolii și eseuri					20
Tutoriat					0
Examinări					6
Alte activități:					0
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	• Nu sunt
4.2 de competențe	• Nu sunt

5. Condiții (acolo unde este cazul)

5.1 De desfășurare a cursului	• Nu sunt
5.2 De desfășurare a	• lucrările de laborator sunt obligatorii. Recuperarea absențelor de la

seminarului/laboratorului	lucrările de laborator se poate face pe baza unei planificări convenite cu cadrul didactic.
---------------------------	---

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 utiliza terminologia și metodele analitice ale bioinformaticii. Obținerea unor deprinderi practice de utilizare a bazelor de date de secvență și de analiză bioinformatică a secvențelor prin utilizarea unor programe specifice.
Competențe transversale	<ul style="list-style-type: none"> Abilitatea de a lucra în echipe de cercetare din domeniul științelor vieții Capacitatea de a utiliza tehnici moderne de investigare în domeniul biologiei moleculare Competențe digitale, prelucrarea primară a datelor și algoritmizarea lor prin reducerea la o schemă sau model, anticiparea unor rezultate. Difuzarea și valorificarea sistematică a rezultatelor la nivel de proiect și program.

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).
7.2 Obiectivele specifice	<ul style="list-style-type: none"> Obținerea unor deprinderi practice de utilizare a bazelor de date de secvență Înșușirea deprinderilor practice de aliniere simplă și multiplă, de editare a secvențelor aliniată și de construire a arborilor filogenetici pe baza secvențelor de nucleotide și de aminoacizi. Înșușirea practică a unor metode de vizualizare a proteinelor, acizilor nucleici și a complexelor de macromolecule

8. Conținuturi

8.1 Curs	Metode de predare	Observații
1. Introducere Ce este bioinformatica? Scopul. Principalele domenii de aplicație a bioinformaticii. Proiectele genomice. Tendințe în bioinformatică.	Activitate frontală, problematizare, conversație, prezentare multimedia	
2. Introducere în bazele de date biologice. Ce este o bază de date? Tipuri de baze de date. Baze de date biologice: baze de date cu secvențe nucleotidice, baze de date cu secvențe proteice, cu structuri proteice, baze de date cu genomuri. Baze de date specializate.	Activitate frontală, problematizare, conversație, prezentare multimedia	

3. Căutarea și extragerea informațiilor din bazele de date: ENTREZ, Sequence Retrieval System (SRS), Protein Identification Resource (PIR), ExPASy.	Activitate frontală, problematizare, conversație, prezentare multimedia	
4. Introducere în analiza secvențelor biologice Manipularea și verificarea datelor folosite în analiza secvențelor.	Activitate frontală, problematizare, conversație, prezentare multimedia	
5. Alinierea secvențelor Principiul “pairwise sequence alignment”. Dotploturile și alinierea secvențelor. Măsurarea similarității a secvențelor.	Activitate frontală, problematizare, conversație, prezentare multimedia	
6. Căutarea similarităților în bazele de date. Metode de căutare: algoritmi FASTA și BLAST.	Activitate frontală, problematizare, conversație, prezentare multimedia	
7. Alinierea multiplă a secvențelor Metode. Metoda alinierii progressive: folosirea programului ClustalW. Metoda alinierii bazate pe compararea segmentelor: dialign2. Alinierea bazată pe găsirea unor motive: utilizarea programului MEME. Vizualizarea alinierilor multiple.	Activitate frontală, problematizare, conversație, prezentare multimedia	
8. Filogenie moleculară I. Evoluția moleculară și filogenia moleculară. Arbori filogenetici.	Activitate frontală, problematizare, conversație, prezentare multimedia	
9. Filogenie moleculară II. Metode și programe pentru elaborarea arborelor filogenetici.	Activitate frontală, problematizare, conversație, prezentare multimedia	
10. Predicții genice (predicții făcute pe baza secvențelor nucleotidice). Predicția elementelor funcționale, reglatoare și promotor, predicția regiunilor care codifică proteine, predicția zonelor care separă exonii de intronii.	Activitate frontală, problematizare, conversație, prezentare multimedia	
11. Bioinformatică structurală I. Structura proteinelor. Determinarea structurilor 3D a proteinelor. Vizualizarea structurilor proteice. Compararea și clasificarea structurilor proteice. Evoluția structurilor proteice.	Activitate frontală, problematizare, conversație, prezentare multimedia	
12. Bioinformatică structurală II. Predicția structurii secundare a proteinelor. Predicția structurii terțiare a proteinelor. Predicția funcțiilor proteinelor. Predicția structurii ARN-ului.	Activitate frontală, problematizare, conversație, prezentare multimedia	
13. Proteomica I. Metode de analiză a expresiei proteice. ADN microarray.	Activitate frontală, problematizare, conversație, prezentare multimedia	
14. Proteomica II. Rețele celulare. Caracteristicile rețelelor autoreglatoare. Rețele bazate pe interacțiunea proteinelor.	Activitate frontală, problematizare, conversație, prezentare multimedia	
Bibliografie András Budinszky, Péter Gál, Sándor Pongor: Introduction to Bioinformatics, Pázmány Péter Katolikus Egyetem, Semmelweis Egyetem és a Dialóg Campus Kiadó-Nordex Kft. által alkotott konzorcium, 2011 https://www.tankonyvtar.hu/hu/tartalom/tamop425/0006_Bevezetes_a_bioinformatikaba/adatok.html Antal Péter, Hullám Gábor, Millinghoffer András, Hajós Gergely, Marx Péter, Arany Ádám, Bolgár Bence, Gézsi András, Poppe László, Sárközy Péter: Bioinformatika: molekuláris mérés technikától az orvosi döntéshozatásig, BME, 2014		

https://www.tankonyvtar.hu/hu/tartalom/tamop412A/2011_0079_antal_bioinformatika/adatok.html

Lesk, A.M. (2005): Introduction to Bioinformatics. 2nd Edition, Oxford University Press.

Szalai Csaba, Antal Péter, Falus András, Oberfrank Ferenc: Orvosi genomika és bioinformatika, Semmelweis Egyetem, 2012

https://www.tankonyvtar.hu/hu/tartalom/tamop412A/2010-0008_orvosi_genomika/orvosi_genomika_vegleges_v2_1_1.html

Szilágyi, A.: Bevezetés a bioinformatikába. <http://www.enzim.hu/~szia/bioinformatika>

Xiong, J. (2006): Essential Bioinformatics. Cambridge University Press

8.2 Seminar / laborator	Metode de predare	Observații
1. Probleme organizatorice. Introducere: prezentarea ftp, www, scp, email.	conversație, prezentare multimedia	
2. Prezentarea celor mai importante baze de date biologice	Prezentare frontală, conversație, analiză, experimentare, modelare, problematizare	
3. Căutarea și extragerea informațiilor biologice: prezentarea NCBI-Entrez, căutarea bibliografiei în PubMed. Link-uri din PubMed către alte baze de date Entrez. Căutări în bazele de date Entrez.	Prezentare frontală, conversație, analiză, experimentare, modelare, problematizare	
4. Prezentarea sistemului de căutare SRS (Sequence Retrieval System). Căutări simple în SRS. Căutări complexe în SRS. Folosirea unor programe externe din SRS. Extragerea secvențelor din SRS.	Prezentare frontală, conversație, analiză, experimentare, modelare, problematizare	
5. Bazele analizei secvențelor. Manipularea secvențelor, tipuri de formate a secvențelor depozitate. Programe de analiză a secvențelor și modul de folosirea a lor.	Prezentare frontală, conversație, analiză, experimentare, modelare, problematizare	
6. Utilizarea băncilor de date genomice. Secvențe genomice pe web. Prezentarea sistemului Ensemble. Căutări în genomuri. Compararea unor regiuni genomice.	Prezentare frontală, conversație, analiză, experimentare, modelare, problematizare	
7. Compararea secvențelor. Metode dot-plot.	Prezentare frontală, conversație, analiză, experimentare, modelare, problematizare	
8. Căutarea similarităților în bazele de date ce conțin secvențe. Folosirea programelor FASTA3 și BLAST.	Prezentare frontală, conversație, analiză, experimentare, modelare, problematizare	
9. Aliniere multiplă a secvențelor. Identificarea domeniilor în structura proteinelor.	Prezentare frontală, conversație, analiză, experimentare, modelare, problematizare	
10. Analize filogenetice. Prezentarea programelor MEGA7 și Unipro UGENE	Prezentare frontală, conversație, analiză, experimentare, modelare, problematizare	

11. Structura proteinelor. Prezentarea bazei de date PDB. Căutarea structurilor. Vizualizarea structurilor 3D: folosirea programelor Rasmol, Rastop, Kinemage, SwissPDBViewer.	Prezentare frontală, conversație, analiză, experimentare, modelare, problematizare	
12. Predicția structurii proteice. Folosirea programului PredictProtein (PHD) pentru predicția structurii secundare, SBASE pentru predicția domeniilor, DAS pentru predicția regiunilor transmembranare și DeepView (Swiss PDBViewer).	Prezentare frontală, conversație, analiză, experimentare, modelare, problematizare	
13. Analiza rețelelor celulare și a interacțiunilor interproteice. Utilizarea programului Cytoscape.	Prezentare frontală, conversație, analiză, experimentare, modelare, problematizare	
14. Prezentarea referatelor.	Conversație și analiza datelor obținute	
Bibliografie http://bioinformatika.wordpress.com/		

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

Disciplina pune accentul asupra implicațiilor bioninformaticii în diferite domenii (medicină, evoluționism etc.) și asupra însușirii principiilor metodologice și a principalelor tehnici de prelucrare computerizată a secvențelor de nucleotide și 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	Evaluarea gradului de însușire a cunoștințelor teoretice	Susținerea lucrării alese și prezentarea rezultatelor obținute	25%
	Evaluarea capacității de sinteză	Realizarea unei lucrări de sinteză pe o temă aleasă	50%
10.5 Seminar/laborator	Evaluarea gradului de însușire a deprinderilor practice de aliniere simplă și multiplă, de editare a secvențelor alinate și de construire a arborilor filogenetici pe baza secvențelor de nucleotide și de aminoacizi.	Rezolvarea pe parcursul semestrului a cinci teme de casă	25%

10.6 Standard minim de performanță

- 45%

Data completării

20.02.2023.....

Semnătura titularului de curs

șef lucr. dr. Kósa Ferenc

Semnătura titularului de seminar

șef lucr. dr. Kósa Ferenc

Data avizării în departament

20.02.2023

Semnătura directorului de departament

șef lucr dr. László Zoltán