

FIȘA DISCIPLINEI
BIOINFORMATICĂ
Anul universitar 2026-2027

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	Biologie moleculară și Biotehnologie
1.4. Domeniul de studii	Biologie
1.5. Ciclul de studii	Master
1.6. Programul de studii / Calificarea	Biotehnologie moleculară/ Biolog
1.7. Forma de învățământ	Cu frecvență

2. Date despre disciplină

2.1. Denumirea disciplinei	Bioinformatică			Codul disciplinei	BMR1103
2.2. Titularul activităților de curs	Șef Lucr. Dr. Laura Pătraș				
2.3. Titularul activităților de seminar	Șef Lucr. Dr. Laura Pătraș				
2.4. Anul de studiu	I	2.5. Semestrul	1	2.6. Tipul de evaluare	Examen
2.7. Regimul disciplinei	Obligatoriu		2.8. Tipul disciplinei	Disciplină de specializare (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/ proiect	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 pentru studiul individual (SI) și activități de autoinstruire (AI)					ore
Studiul după manual, suport de curs, bibliografie și notițe (AI)					32
Documentare suplimentară în bibliotecă, pe platformele electronice de specialitate și pe teren					28
Pregătire seminare/ laboratoare/ proiecte, teme, referate, portofolii și eseuri					20
Tutoriat (consiliere profesională)					14
Examinări					4
Alte activități					
3.7. Total ore studiu individual (SI) și activități de autoinstruire (AI)				98	
3.8. Total ore pe semestru				154	
3.9. Numărul de credite				6	

4. Precondiții (acolo unde este cazul)

4.1. de curriculum	Genetică, Biologie celulară și moleculară, Biochimie, Statistică
4.2. de competențe	Cunoștințe operare PC și a softurilor utilitare (Word, Excel, Powerpoint).

5. Condiții (acolo unde este cazul)

5.1. de desfășurare a cursului	Suport logistic video Platforma de comunicare MS Teams
5.2. de desfășurare a seminarului/ laboratorului	Participarea la minim 90% din totalul seminariilor este condiție pentru participarea la examenul scris

6.1. Competențele dobândite în urma absolvirii programului de studii (se preiau din planul de învățământ)

Competențe profesionale	
Codul competenței	Competență
CP1	Aplică proceduri de siguranță în laborator, desfășoară activități de cercetare la nivel interdisciplinar, aplică metode științifice, gestionează date în domeniul cercetării, redactează lucrări științifice, academice și documentație tehnică. <i>Apply safety procedures in laborator, conduct research across discipline, apply scientific method, manage research data, draft scientific or academic papers and technical documentation.</i>

CP4	Efectuează cercetări asupra genomului, efectuează teste de laborator, evaluează date genetice. <i>Conduct genome research, perform laboratory tests, evaluate genetic data.</i>
CP5	Acordă sprijin elevilor și studenților în procesul de învățare, monitorizează progresele realizate în domeniul de specialitate, pregătește conținutul lecției, predă biologie. <i>Assist students in their learning, monitor developments in field of expertise, develop course outline, teach biology.</i>
Competențe transversale	
Codul competenței	Competență
CT2	Interacționează profesional în mediile de cercetare și profesionale, promovează inovarea deschisă în cercetare. <i>Interact professionally in research and professional environments, promote open innovation in research.</i>
CT3	Adaptează strategia didactică la abilitățile elevilor și studenților, aplică strategii didactice interculturale. <i>Adapt teaching to student's capability, apply intercultural teaching strategies.</i>

6.2. Rezultatele învățării specifice programului de studii (se preiau din planul de învățământ)

Rezultatele învățării vizate prin disciplină		
Codul competenței	Cunoștințe și înțelegere (Knowledge and understanding)	Abilități academice specifice (Specific academic skills)
CP1	1. Studentul explică și corelează conceptele fundamentale de analiză a secvențelor, aliniere, adnotare genomică și modelare structurală, evidențiind relațiile dintre metodele algoritmice și aplicațiile biologice. <i>1. The student explains and correlates the fundamental concepts of sequence analysis, alignment, genomic annotation, and structural modeling, highlighting the relationships between algorithmic methods and biological applications.</i>	1. Studentul utilizează baze de date și instrumente bioinformatic pentru a analiza secvențe ADN/ARN/proteine. <i>1. The student uses databases and bioinformatics tools to analyze DNA/RNA/protein sequences.</i>
CP2	2. Studentul explică relațiile dintre structura genomică microbială și adaptarea la mediu. <i>2. The student explains the relationships between microbial genomic structure and environmental adaptation.</i>	2. Studentul aplică tehnici de biologie moleculară (PCR, electroforeză, clonare) pentru investigarea microorganismelor în contexte experimentale. <i>2. The student applies molecular biology techniques (PCR, electrophoresis, cloning) to investigate microorganisms in experimental contexts.</i>
CP3	3. Studentul explică mecanismele moleculare ale răspunsului imun înăscut și adaptativ. <i>3. The student explains the molecular mechanisms of the innate and adaptive immune response.</i>	3. Studentul interpretează date imunologice pentru a fundamenta ipoteze privind mecanismele moleculare implicate. <i>3. The student interprets immunological data to substantiate hypotheses regarding the molecular mechanisms involved.</i>
CP4	4. Studentul explică principiile teoretice ale tehnicilor moderne de analiză biochimică și biofizică. <i>4. The student explains the theoretical principles of modern biochemical and biophysical analysis techniques.</i>	4. Studentul utilizează tehnici instrumentale moderne (spectroscopie, cromatografie, microscopie avansată) pentru analiza biomoleculilor. <i>4. The student uses modern instrumental techniques (spectroscopy, chromatography, advanced microscopy) for the analysis of biomolecules.</i>

7. Rezultatele învățării specifice disciplinei

Cunoștințe și înțelegere (Knowledge and understanding)

<p>1. Studentul explică conceptele fundamentale ale bioinformaticii, rolul acestora în cercetarea biologică și relația cu alte domenii (genomică, proteomică, biologie moleculară, metagenomică). <i>The student explains the fundamental concepts of bioinformatics, its role in biological research, and its relationship with related fields (genomics, proteomics, molecular biology, metagenomics).</i></p>
<p>2. Studentul descrie tipurile de baze de date biologice și structura acestora (NCBI, ENA, DDBJ, UniProt, PDB), inclusiv principiile de adnotare și organizare a datelor. <i>The student describes the types and structure of biological databases (NCBI, ENA, DDBJ, UniProt, PDB), including data annotation and organization principles.</i></p>
<p>3. Studentul explică principiile teoretice ale analizei secvențelor biologice, inclusiv alinierea pereche și multiplă, scorurile de similaritate, matricile de substituție și semnificația statistică a rezultatelor. <i>The student explains the theoretical principles of biological sequence analysis, including pairwise and multiple alignment, similarity scoring, substitution matrices, and statistical significance of results.</i></p>
<p>4. Studentul descrie metodele de analiză filogenetică, principiile bioinformaticii structurale și relația structură-funcție în studiul biomoleculilor. <i>The student describes phylogenetic analysis methods, the principles of structural bioinformatics and the relationship structure-function to biomolecular studies.</i></p>
<p>5. Studentul explică principiile analizei funcționale a proteinelor și ale datelor de tip omics (în special proteomică). <i>The student explains the principles of protein functional analysis and omics data analysis (especially proteomics).</i></p>
<p>Abilități academice specifice (Specific academic skills)</p>
<p>1. Studentul utilizează resurse online și baze de date (PubMed, NCBI, UniProt, DDBJ) pentru documentare științifică, selecția critică și extragerea informațiilor relevante. <i>The student uses online resources and databases (PubMed, NCBI, UniProt, DDBJ) for scientific documentation, critical selection and data retrieval.</i></p>
<p>2. Studentul efectuează căutări și interogări de secvențe biologice și interpretează critic rezultatele utilizând instrumente bioinformatic (BLAST, PSI-BLAST). <i>The student performs biological sequence searches and interprets critically the results using bioinformatics tools (BLAST, PSI-BLAST).</i></p>
<p>3. Studentul aplică metode de aliniere a secvențelor (aliniere simplă și multiplă) și utilizează software specific (Clustal, BioEdit, MEGA) pentru analiza comparativă și identificarea regiunilor conservate. <i>The student applies sequence alignment methods (pairwise and multiple) and uses dedicated software (Clustal, BioEdit, MEGA) for comparative analysis and identification of conserved regions.</i></p>
<p>4. Studentul identifică mutații (substituții, inserții, deleții) și analizează impactul acestora asupra structurii și funcției proteinelor. <i>The student identifies mutations (substitutions, insertions, deletions) and analyzes their impact on protein structure and function.</i></p>
<p>5. Studentul utilizează baze de date de proteine și instrumente specifice (Swiss-Prot, UniProtKB, Reactome, STRING/IntAct) pentru analiza funcțională și a interacțiunilor moleculare. <i>The student uses protein databases and tools (Swiss-Prot, UniProtKB, Reactome, STRING/IntAct) for functional and interaction analysis.</i></p>
<p>5. Studentul vizualizează și analizează structuri tridimensionale ale biomoleculilor utilizând aplicații dedicate (ChimeraX sau aplicații echivalente) și modele 3D. <i>The student visualizes and analyzes three-dimensional biomolecular structures using dedicated applications (ChimeraX or equivalent applications) and 3D models.</i></p>
<p>6. Studentul construiește și interpretează arbori filogenetici pe baza datelor de secvență utilizând metode și software specifice. <i>The student constructs and interprets phylogenetic trees based on sequence data using specific methods and software.</i></p>
<p>7. Studentul prelucrează și vizualizează date de tip omics (ex. proteomică) utilizând instrumente informatice (Excel, R, GraphPad, Morpheus) pentru interpretarea rezultatelor. <i>The student processes and visualizes omics data (e.g., proteomics) using computational tools (Excel, R, GraphPad, Morpheus) for result interpretation.</i></p>

8. Conținuturi

8.1 Curs	Metode de predare - învățare	Observații
1. Introducere în bioinformatică: Definiție, domenii de aplicabilitate. Abordarea reduționistă în biologie. Dogma centrală a biologiei. Necesitatea bioinformaticii. Relația cu alte discipline. Evoluția și dezvoltarea bioinformaticii.	Prelegerea frontală; discuția, explicația.	2 ore
2. Bazele de date în biologia moleculară. Bazele de date de secvențe nucleotidice. Clasificarea bazelor de date. Apariția și evoluția bazelor de date.	Prelegerea frontală; discuția, explicația.	2 ore

Colaborarea Internațională EMBL/GenBank/ DDBJ. Adnotarea secvențelor și formatele fișierelor. Bazele de date genomice. Bazele de date de literatură (PubMed). Bazele de date primare (NCBI/GenBank, ENA, DDBJ). Formate de fișiere (FASTA). Tipuri de secvențe și adnotarea acestora. Bazele de date de literatură. PubMed.		
3. Bazele de date de secvențe de aminoacizi (proteine). Sursele secvențelor proteice. Traducerea conceptuală. Bazele de date (UniProtKB/Swiss-Prot, TrEMBL). Baze de date secundare. Structuri 3D (PDB). Vizualizare moleculară. Introducere în analiza funcțională (Reactome, interacțiuni proteice).	Prelegerea frontală; discuția, explicația.	2 ore
4. Bazele de date genomice. 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.	Prelegerea frontală; discuția, explicația.	2 ore
5. Analiza comparată a secvențelor – concepte fundamentale - 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.	Prelegerea frontală; discuția, explicația.	2 ore
6. 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.	Prelegerea frontală; discuția, explicația.	2 ore
7. 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.	Prelegerea frontală; discuția, explicația.	2 ore
8. 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. 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.	Prelegerea frontală; discuția, explicația.	2 ore
9. 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 alinierilor multiple. Aplicațiile MSA. Clasificarea proteinelor. Bazele de date utile pentru alinieri multiple.	Prelegerea frontală; discuția, explicația.	2 ore
10. Arbori filogenetici. Inferența filogenetică (construcția/reconstrucția arborilor filogenetici). Filogenia organismelor – filogenia genelor. Clasificarea metodelor de inferență filogenetică. Metoda UPGMA. Metoda “neighbour joining” (NJ). Metoda parcimoniei maxime. Metoda verosimilității maxime (“maximum likelihood” – ML). Testarea arborilor filogenetici (bootstrap). Interpretarea relațiilor evolutive.	Prelegerea frontală; discuția, explicația.	4 ore
11. Bioinformatica structurală. Definiție, aplicabilitate. Protein data bank (PDB). Vizualizarea și compararea structurilor de proteine (primară, secundară, terțiară). Compararea intra- și intermoleculară a structurilor de proteine. Bioinformatica structurală a acizilor nucleici și a proteinelor. Relația structură–funcție.	Prelegerea frontală; discuția, explicația.	2 ore
12. Introducere în proteomică. Definiția proteomicii și aplicații. Analiza bioinformatică a datelor de proteomică. Prelucrarea datelor brute (curățare, normalizare, transformare). Vizualizarea datelor (heatmaps, PCA). Analiza funcțională: GO, Reactome, interactom. Identificarea biomarkerilor și interpretarea datelor proteomice.	Prelegerea frontală; discuția, explicația.	2 ore
13. Introducere în analiza metagenomică. Direcții majore, metodologii experimentale, tipuri de abordări. Construirea bibliotecilor metagenomice, secvențierea ADN. Prelucrarea și controlul calității datelor. Asamblarea metagenomică. Predicția genelor și adnotarea funcțională. Aplicații ale metagenomicii și integrarea multi-omics.	Prelegerea frontală; discuția, explicația; studii de caz.	2 ore





































Prezentarea unor articole științifice/studii de caz pe metagenomică și filogenie moleculară.		
<p>Bibliografie</p> <p>1. Brown, S.M., 2000, Bioinformatics: A Biologist's Guide to Biocomputing and the Internet, Eaton Publ., New York.</p> <p>2. Pevsner, J., 2003, Bioinformatics and functional Genomics, Wiley-Liss, New Jersey.</p> <p>3. Xiong, J., 2006, Essential Bioinformatics, Cambridge Univ. Press, Cambridge.</p> <p>4. Resurse web:</p> <p>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/</p> <p>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</p> <p>4.3 http://www.ncbi.nlm.nih.gov/BLAST/ http://fasta.bioch.virginia.edu/fasta_www2/fasta_list2.shtml</p> <p>4.4. http://Pfam.wustl.edu http://www.ncbi.nlm.nih.gov/Structure/cdd/cdd.shtml</p>		
8.2 Seminar / laborator	Metode de predare - învățare	Observații
1. Introducere în bioinformatică. Tipuri de date biologice. Documentarea în biologia moleculară utilizând baze de date bibliografice (PubMed). Strategii de căutare și selecția informației științifice.	Seminar frontal; explicația; aplicații practice pe calculator.	2 ore
2. Bazele de date primare de nucleotide (NCBI, ENA, DDBJ). Căutarea secvențelor, interpretarea adnotărilor și descărcarea datelor. Formate de fișiere (FASTA). Editarea și curățarea secvențelor.	Explicația; demonstrația; lucru individual pe calculator.	2 ore
3. Interogarea bazelor de date pentru nucleotide – BLAST (blastn). Editarea secvențelor folosind programe BioEdit/MEGA. Identificarea organismelor și interpretarea rezultatelor BLAST.	Seminar frontal; explicația; aplicații practice pe calculator.	2 ore
4. Alinierea pereche de secvențe. (Similaritate vs. Identitate). Utilizarea BLAST pentru nucleotide și interpretarea rezultatelor. Căutarea și identificarea regiunilor conservate.	Seminar frontal; explicația; aplicații practice pe calculator.	2 ore
5. Identificarea ORF și traducerea secvențelor ADN în proteine. Cadre de citire. Introducere în mutații (substituții, inserții, deleții) și impactul lor asupra proteinei.	Seminar frontal; explicația; aplicații practice pe calculator.	2 ore
6. Alinierea multiplă de secvențe (MSA): principii și aplicații utilizând diferite instrumente (Clustal Omega, ClustalW, MUSCLE, MEGA). Interpretarea aliniierilor și identificarea regiunilor conservate/variabile. Construirea arborilor filogenetici (Neighbour-Joining, Maximum Likelihood, bootstrap). Interpretarea arborilor și a relațiilor evolutive pe baza secvențelor de nucleotide și proteine.	Seminar frontal; explicația; aplicații practice.	2 ore
7. Studiu de caz: relația filogenetică HIV-1, HIV-2 și SIV. Analiza aliniierilor și interpretarea arborilor filogenetici.	Seminar frontal; explicația; aplicații practice pe calculator; studiu de caz.	2 ore
8. Identificarea mutațiilor și analiza impactului acestora asupra structurii și funcției proteinelor (ex. rezistență la antibiotice – gena rpoB).	Seminar frontal; explicația; aplicații practice pe calculator; studiu de caz.	2 ore
9. Bazele de date de proteine (UniProt, SwissProt) și unelte bioinformatică folosite pentru studiul proteinelor (Expasy, TMHMM, Prosite). Căutarea informațiilor în bazele de date de proteine.	Seminar frontal; explicația; aplicații practice.	2 ore
10. Analiza funcțională a proteinelor pornind de la o secvență genomică și caracterizarea lor bioinformatică (proprietăți fizico-chimice). Structura proteinelor: primară, secundară și terțiară. Predicția structurii și vizualizare 3D. Corelații structură–funcție.	Seminar frontal; explicația; aplicații practice.	2 ore
11. Vizualizarea structurii 3D a proteinelor, acizilor nucleici și a complexelor macromoleculare (fișiere pdb) cu ChimeraX. Obținerea unui model 3D	Explicația; aplicații practice; laborator	2 ore

folosind imprimanta din gama Ender.	practic.	
12. Introducere în proteomică. Analiza și normalizarea datelor (Excel), vizualizarea (heatmaps folosind Morpheus) și interpretarea datelor proteomice. Studiu de caz integrativ.	Seminar frontal; explicația; aplicații practice.	2 ore
13. Analiza funcțională a datelor de proteomică (Reactome), analiza interacțiunilor dintre proteine (STRING). Studiu de caz integrativ.	Seminar frontal; explicația; aplicații practice.	2 ore
14. Evaluarea finală a competențelor practice (BLAST, alinieri, filogenie, analiză proteică și interpretarea datelor)	Colocviu practic pe calculator	2 ore
Bibliografie		
1. Jurnale științifice de specialitate ce pot fi accesate din baze de date abonate și care pot fi accesate prin filialele Bibliotecii Centrale Universitare „Lucian Blaga”.		
2. Suportul de seminarii care va fi făcut disponibil prin platforma Teams.		

9. Evaluare

Tip activitate	9.1 Criterii de evaluare	9.2 Metode de evaluare	9.3 Pondere din nota finală
9.4 Curs	Evaluarea urmărește verificarea achizițiilor de cunoștințe și capacitatea de aplicare a conceptelor fundamentale de bioinformatică; Înțelegerea principiilor algoritmilor de analiză a secvențelor (alinieri, BLAST, scoruri, semnificație statistică); Capacitatea de interpretare a rezultatelor obținute prin interogarea bazelor de date bioinformatică și folosirea metodelor de aliniere, analiză filogenetică cât și a principiilor bioinformaticii structurale; Capacitatea de argumentare științifică și de interpretare critică și corelare a rezultatelor bioinformatică cu semnificația biologică.	Examen scris	50%
9.5 Seminar/laborator	Capacitatea de utilizare a bazelor de date bioinformatică (NCBI, UniProt, PDB); Aplicarea metodelor de căutare în bazele de date, de aliniere simplă și multiplă și interpretarea rezultatelor; Utilizarea instrumentelor pentru analiza funcțională a proteinelor și a interacțiunilor moleculare; Capacitatea de construire și interpretare a arborilor filogenetici; Utilizarea aplicațiilor de vizualizare moleculară pentru analiza structurilor 3D; Prelucrarea și interpretarea datelor biologice (ex. proteomică, heatmap-uri).	Portofoliul cu teme	Condiție pentru intrarea în colocviu și examen
		Colocviu practic pe calculator	50%
9.6 Standard minim de promovare			
Minim nota 5 (cinci) la examenul final;			
Realizarea unui portofoliu complet de teme indicate pe parcursul ședințelor de curs;			

10. Etichete ODD (Obiective de Dezvoltare Durabilă / Sustainable Development Goals)

	Eticheta generală pentru Dezvoltare durabilă							
1 FĂRĂ SĂRĂCIE 	2 FOAMETE „ZERO” 	3 SĂNĂTATE ȘI BUNĂSTARE 	4 EDUCAȚIE DE CALITATE 	5 EGALITATE DE GEN 	6 APĂ CURĂȚĂ ȘI SĂNĂTATE 	7 ENERGIE CURĂȚĂ ȘI LA PREȚURI ACCESIBILE 	8 MUNCĂ DECENTĂ ȘI CREȘTERE ECONOMICĂ 	9 INDUSTRIE, INOVATIE ȘI INFRASTRUCTURĂ 
								
10 INEGALITĂȚI REDUSE 	11 ORAȘE ȘI COMUNITĂȚI DURABILE 	12 CONSUM ȘI PRODUCȚIE RESPONSABILĂ 	13 ACȚIUNE CLIMATICĂ 	14 VIAȚĂ ACVATICĂ 	15 VIAȚĂ TERESTRĂ 	16 PACE, JUSTIȚIE ȘI INSTITUȚII EFICIENTE 	17 PARTENERIAȚE PENTRU REALIZAREA OBIECTIVELOR 	Nu se aplică nici o etichetă
								

Data completării:
04.10.2026

Semnătura titularului de curs
Șef. Lucr. Dr. Laura Pătraș

Semnătura titularului de seminar
Șef. Lucr. Dr. Laura Pătraș

Data avizării în departament:
04.11.2026

Semnătura directorului de departament
Conf. Dr. Beatrice Kelemen