

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 Științe Medicale și ale Sănătății
1.3. Departamentul	Departamentul de Științe Medicale și ale Sănătății
1.4. Domeniul de studii	Biologie
1.5. Ciclul de studii	Masterat, 4 semestre, cu frecvență
1.6. Programul de studii / Calificarea	Biologie medicală (limba maghiară)/Master în Biologie medicală
1.7. Forma de învățământ	Cu frecvență

2. Date despre disciplină

2.1. Denumirea disciplinei	Bioinformatică		Codul disciplinei	BMM5303	
2.2. Titularul activităților de curs	Șef lucr. Dr. Kósa Ferencz				
2.3. Titularul activităților de seminar	Șef lucr. Dr. Kósa Ferencz				
2.4. Anul de studiu	I	2.5. Semestrul	I	2.6. Tipul de evaluare	Examen
2.7. Regimul disciplinei	Obligativu	2.8. Tipul disciplinei	Disciplină complementară (DC)		

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)					42
Documentare suplimentară în bibliotecă, pe platformele electronice de specialitate și pe teren					30
Pregătire seminare/ laboratoare/ proiecte, teme, referate, portofolii și eseuri					20
Tutoriat (consiliere profesională)					0
Examinări					6
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	Nu sunt
4.2. de competențe	Nu sunt

5. Condiții (acolo unde este cazul)

5.1. de desfășurare a cursului	Sală de curs, dotată cu laptop, videoprojector și software adecvat - Power Point, Word, aplicații multimedia, Internet
5.2. de desfășurare a seminarului/ laboratorului	lucrările de laborator sunt obligatorii. Recuperarea absențelor de la lucrările de laborator se poate face pe baza unei planificări convenite cu cadrul didactic.

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

Competențe profesionale

Codul competenței	Competență
CP3	Capacitatea de a analiza critic date științifice, de a evalua metode și tehnologii moderne.
Competențe transversale	
Codul competenței	Competență
CT1	Aptitudinea de a colabora într-o echipă multidisciplinară pentru îmbunătățirea fluxului de lucru și a calității serviciilor

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)
CP16	16. Cunoaște principiile eticii cercetării, integrității științifice și comunicării academice responsabile.	16. Elaborează și evaluează texte științifice conform standardelor etice, de structură și de argumentare academică.

7. Rezultatele învățării specifice disciplinei

Cunoștințe și înțelegere (Knowledge and understanding)
După finalizarea cursului, studentul este capabil să:
1. Descrie tipurile și funcționarea bazelor de date bioinformatic, inclusiv bazele de date de secvențe nucleotidice și proteice, precum și principiile de căutare în aceste sisteme.
2. Explice principiile analizei secvențelor biologice, cu accent pe aliniamentele pereche și multiple, precum și pe fundamentele algoritmice ale căutărilor de similaritate (de ex. BLAST, FASTA).
3. Prezintă bazele filogeneticii moleculare și ale bioinformaticii structurale, incluzând construirea arborilor filogenetici și predicția și vizualizarea structurilor proteinelor și acizilor nucleici.
Abilități academice specifice (Specific academic skills)
1. Utilizeze eficient baze de date bioinformatic și să extragă informații relevante, de exemplu prin utilizarea platformelor NCBI, UniProt sau a altor sisteme similare.
2. Realizeze și interpreteze analize de secvență și aliniamente, inclusiv evaluarea critică a rezultatelor obținute prin BLAST, aliniamente multiple și identificarea motivelor conservate.
3. Efectueze analize filogenetice și structurale de bază, incluzând generarea arborilor filogenetici și vizualizarea structurilor proteice, precum și utilizarea instrumentelor de predicție.

8. Conținuturi

8.1 Curs	Metode de predare - învățare	Observații
1. Introducere Ce este bioinformatica? Scopul. Principalele domenii de aplicație a bioinformaticii. Proiectele genomice. Tendințe în bioinformatică.	Activitate frontală, problematizare, conversație, prezentare multimedia	

<p>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.</p>	<p>Activitate frontală, problematizare, conversație, prezentare multimedia</p>	
<p>3. Căutarea și extragerea informațiilor din bazele de date: ENTREZ, Sequence Retrieval System (SRS), Protein Identification Resource (PIR), ExPASy.</p>	<p>Activitate frontală, problematizare, conversație, prezentare multimedia</p>	
<p>4. Introducere în analiza secvențelor biologice Manipularea și verificarea datelor folosite în analiza secvențelor.</p>	<p>Activitate frontală, problematizare, conversație, prezentare multimedia</p>	
<p>5. Alinierea secvențelor Principiul "pairwise sequence alignment". Dotploturile și alinierea secvențelor. Măsurarea similarității a secvențelor.</p>	<p>Activitate frontală, problematizare, conversație, prezentare multimedia</p>	
<p>6. Căutarea similarităților în bazele de date. Metode de căutare: algoritmi FASTA și BLAST.</p>	<p>Activitate frontală, problematizare, conversație, prezentare multimedia</p>	
<p>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.</p>	<p>Activitate frontală, problematizare, conversație, prezentare multimedia</p>	
<p>8. Filogenie moleculară I. Evoluția moleculară și filogenia moleculară. Arbori filogenetici.</p>	<p>Activitate frontală, problematizare, conversație, prezentare multimedia</p>	
<p>9. Filogenie moleculară II. Metode și programe pentru elaborarea arborelor filogenetici.</p>	<p>Activitate frontală, problematizare, conversație, prezentare multimedia</p>	
<p>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.</p>	<p>Activitate frontală, problematizare, conversație, prezentare multimedia</p>	
<p>11. Bioinformatică structurală I. Structura proteinelor. Determinarea structurilor 3D a proteinelor. Vizualizarea structurilor proteice. Compararea și clasificarea structurilor proteice. Evoluția structurilor proteice.</p>	<p>Activitate frontală, problematizare, conversație, prezentare multimedia</p>	
<p>12. Bioinformatică structurală II. Predicția structurii secundare a proteinelor. Predicția structurii terțiare a proteinelor. Predicția funcțiilor proteinelor. Predicția structurii ARN-ului.</p>	<p>Activitate frontală, problematizare, conversație, prezentare multimedia</p>	
<p>13. Proteomica I. Metode de analiză a expresiei proteice. ADN microarray.</p>	<p>Activitate frontală, problematizare, conversație, prezentare multimedia</p>	

<p>14. Proteomica II. Rețele celulare. Caracteristicile rețelelor autoreglatoare. Rețele bazate pe interacțiunea proteinelor.</p>	<p>Activitate frontală, problematizare, conversație, prezentare multimedia</p>	
<p>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</p> <p>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 döntéstámogatásig, BME, 2014 https://www.tankonyvtar.hu/hu/tartalom/tamop412A/2011_0079_antal_bioinformatika/adatok.html</p> <p>Lesk, A.M. (2005): Introduction to Bioinformatics. 2nd Edition, Oxford University Press.</p> <p>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</p> <p>Szilágyi, A.: Bevezetés a bioinformatikába. http://www.enzim.hu/~szia/bioinformatika Xiong, J. (2006): Essential Bioinformatics. Cambridge University Press</p>		
<p>8.2 Seminar / laborator</p>	<p>Metode de predare - învățare</p>	<p>Observații</p>
<p>1. Probleme organizatorice. Introducere: prezentarea ftp, www, scp, email.</p>	<p>conversație, prezentare multimedia</p>	
<p>2. Prezentarea celor mai importante baze de date biologice</p>	<p>Prezentare frontală, conversație, analiză, experimentare, modelare, problematizare</p>	
<p>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.</p>	<p>Prezentare frontală, conversație, analiză, experimentare, modelare, problematizare</p>	
<p>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.</p>	<p>Prezentare frontală, conversație, analiză, experimentare, modelare, problematizare</p>	
<p>5. Bazele analizei secvențelor. Manipularea secvențelor, tipuri de formate a secvențelor depozitate. Programe de analiză a secvențelor și modul de folosirea a lor.</p>	<p>Prezentare frontală, conversație, analiză, experimentare, modelare, problematizare</p>	
<p>6. Utilizarea băncilor de date genomice. Secvențe genomice pe web. Prezentarea sistemului Ensemble. Căutări în genomuri. Compararea unor regiuni genomice.</p>	<p>Prezentare frontală, conversație, analiză, experimentare, modelare, problematizare</p>	
<p>7. Compararea secvențelor. Metode dot-plot.</p>	<p>Prezentare frontală, conversație, analiză, experimentare, modelare, problematizare</p>	
<p>8. Căutarea similarităților în bazele de date ce conțin secvențe. Folosirea programelor FASTA3 și BLAST.</p>	<p>Prezentare frontală, conversație, analiză, experimentare, modelare, problematizare</p>	
<p>9. Aliniere multiplă a secvențelor. Identificarea domeniilor în structura proteinelor.</p>	<p>Prezentare frontală, conversație, analiză, experimentare, modelare, problematizare</p>	

								Nu se aplică nici o etichetă
<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	X

Data completării:

Semnătura titularului de curs

Semnătura titularului de seminar

.....

.....

10 aprilie 2026

sef lucr dr Kósa Ferencz

sef lucr dr Kósa Ferencz

Data avizării în departament:

Semnătura directorului de departament

20 aprilie 2026

conf dr Keresztes Lujza