

FIȘA DISCIPLINEI

1. Date despre program

1.1 Instituția de învățământ superior	Universitatea Babes-Bolyai
1.2 Facultatea	Facultatea de Chimie și Inginerie Chimică
1.3 Departamentul	Departamentul de Chimie
1.4 Domeniul de studii	Inginerie biochimică
1.5 Ciclul de studii	Licenta
1.6 Programul de studiu / Calificarea	Inginerie biochimică

2. Date despre disciplină

2.1 Denumirea disciplinei	Bioinformatică CLR2584						
2.2 Titularul activităților de curs	Lect. Dr. László-Csaba Bencze						
2.3 Titularul activităților de seminar	Lect. Dr. László-Csaba Bencze						
2.4 Anul de studiu	4	2.5 Semestrul	8	2.6. Tipul de evaluare	VP	2.7 Regimul disciplinei	Opt

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	56	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					22
Documentare suplimentară în bibliotecă și pe platformele electronice de specialitate					22
Pregătire seminarii/laboratoare și prezentări PP					10
Tutoriat					10
Examinări					5
Alte activități:					
3.7 Total ore studiu individual		64			
3.8 Total ore pe semestru		125			
3.9 Numărul de credite		5			

4. Precondiții (acolo unde este cazul)

4.1 de curriculum	<ul style="list-style-type: none"> Cunoștințe de baza: Biochimie, Biologie celulară și moleculară, Genetică
4.2 de competențe	<ul style="list-style-type: none"> Utilizarea calculatorului și abilități de navigare Internet

5. Condiții (acolo unde este cazul)

5.1 De desfășurare a cursului/seminarului	<ul style="list-style-type: none"> Suport logistic video, laborator de calculatoare conectate la rețea (Internet)
5.2 De desfășurare a seminarului/laboratorului	<ul style="list-style-type: none"> Participarea la minim 80% din lucrările de laborator este condiție pentru participarea la examen

6. Competențele specifice acumulate

Competențe profesionale	<ul style="list-style-type: none"> Dobândirea capacității de a aborda (gândi) structura și funcția macromoleculelor în termeni de secvențe biologice (nucleotidice și proteice) și de a utiliza terminologia și metodele analitice ale bioinformaticii.
Competențe transversale	<ul style="list-style-type: none"> Aplicarea analizei bioinformaticice pentru dobândirea de cunoaștere avansată în domeniul biomedical: genetică, genomică, proteomică, design experimental etc.

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). Înșușirea principiilor metodologice și a principalelor tehnici de prelucrare computerizată a secvențelor
7.2 Obiectivele specifice	<ul style="list-style-type: none"> Obținerea unor deprinderi practice de utilizare a bazelor de date de secvență și de analiză bioinformatică a secvențelor prin utilizarea unor pachete software specifice.

8. Conținuturi

8.1 Curs	Metode de predare	Observații
1. Introducere în bioinformatică. Dogma centrală a bioinformaticii. Necesitatea bioinformaticii. Conținutul bioinformaticii. Relația bioinformaticii cu alte discipline ale biologiei.	Prelegere frontală, suport video	
2. Bazele de date de secvențe nucleotidice. Natura secvențelor biologice. Coduri FASTA. Baze de date primare de secvențe nucleotidice. Tipuri de secvențe depozitate. Colaborarea Internațională EMBL/ GenBank/DDBJ.	Prelegere frontală, suport video	
3. Bazele de date de secvențe de aminoacizi (proteine). Sursele secvențelor de aminoacizi; traducerea conceptuală. Criterii de calitate ale secvențelor. Principalele baze de date de proteine: Entrez-proteine, Swiss-Prot și TrEMBL. Adnotarea și formatele fișierelor.	Prelegere frontală, suport video	

4. Analiza comparată a secvențelor biologice: alinierea. Similaritatea și omologia secvențelor. Alinierea simplă (perechi de secvențe). Măsurarea similarității. Scheme de scor pentru alinierea proteinelor: matricile de substituție PAM și BLOSUM.	Prelegere frontală, suport video	
5. 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 și locale ale perechilor de secvențe.	Prelegere frontală, suport video	
6. Interogarea bazelor de date – BLAST și FASTA Scopurile interogării. Interogarea prin metode euristice. Algoritmul BLAST. Programe și servicii BLAST pentru secvențe de aminoacizi și proteine.	Prelegere frontală, suport video	
7. Semnificația alinierii perechilor de secvențe. Criterii biologice. Statistica interogării bazelor de date. Parametrii statistici ai interogării. Interpretarea interogării BLAST.	Prelegere frontală, suport video	
8. Interogarea BLAST avansată. Site-uri și servere BLAST specializate. Ensemble. BLAST iterativ: PSI-BLAST. Interogarea BLAST cu pattern-uri de secvență-PHI-BLAST.	Prelegere frontală, suport video	
9. Alinierea multiplă (MSA). Alinieri multiple globale și locale. Criterii utilizate în construirea alinierilor multiple. Semnificația scorurilor în alinierile multiple. Metode de aliniere multiplă. Alinierea progresivă a secvențelor – Clustal, Clustal Omega	Prelegere frontală, suport video	
10. Bioinformatica exprimării genice. Analiza datelor de exprimare genică (microarray): procesarea datelor, normalizări globale și locale. Semnificația statistică a datelor. Analiza cluster ierarhică.	Prelegere frontală, suport video	
12. Arbori filogenetici. Introducere în filogenia moleculară. Morfologia și proprietățile arborilor. Arbori cu rădăcină și fără rădăcină. Monofilie, parafilie și polifilie. Filogenia organismelor – filogenia genelor.	Prelegere frontală, suport video	
13. Metode de predicție. Predicția proprietăților acizilor nucleici (structură, temperatură de topire), proteinelor (structură, porțiuni ordonate, neordonate, motive lineare), precizitatea metodelor de predicție	Prelegere frontală, suport video	
14. Metode de analiză in silico. Vizualizarea grafică a macromoleculelor, modelare prin omologie a structurilor proteice și in silico docking.	Prelegere frontală, suport video	
	Prelegere frontală, suport video	
Bibliografie Mount, D. W., 2004, <i>Bioinformatics: Sequence and Genome Analysis, 2nd Edition</i> , Cold Spring Harbor Laboratory Press Pevsner, J., 2009, <i>Bioinformatics and functional Genomics</i> , Wiley-Blackwell, New Jersey. Xiong, J., 2006, <i>Essential Bioinformatics</i> , Cambridge Univ. Press, Cambridge. Suport de curs, format electronic		
8.2 Seminar / laborator	Metode de predare	Observații
1. Bazele de date primare de nucleotide. Colaborarea internațională NCBI/EMBL/DBJ).Cautarea specifică, structura fișierelor și interpretarea adnotărilor. Descărcarea informației de secvență.	Activitate practică, subgrupe de 2 studenți	
2. Căutarea secvențelor specifice în funcție de calea metabolică – resurse DBJ.	Activitate practică, subgrupe de 2 studenți	

3. Bazele de date de proteine. Utilizarea bazelor de date Uniprot și serviciilor Expasy.	Activitate practică, subgrupe de 2 studenți	
4. Vizualizarea, modificare, inserare de gene cu programul Snapgene.	Activitate practică, subgrupe de 2 studenți	
5. Proiectare de primeri pentru diferite aplicații: amplificare, secvențiere, mutații ale secvențelor de acizi nucleici.	Activitate practică, subgrupe de 2 studenți	
6. Baza de date de structuri proteice –Protein Data Bank	Activitate practică, subgrupe de 2 studenți	
7. Vizualizarea proteinelor (fișiere pdb) cu programul PyMOL.	Activitate practică, subgrupe de 2 studenți	
8. Resurse NCBI de interogare a bazelor de date prin aliniere simplă: pachetul BLAST pentru nucleotide. Setarea MEGABLAST și <i>blastn</i> . Interpretarea interogărilor.	Activitate practică, subgrupe de 2 studenți	
9. Resurse NCBI de interogare a bazelor de date prin aliniere simplă: pachetul BLAST pentru proteine. Setarea <i>blastp</i> și <i>tblastn</i> .	Activitate practică, subgrupe de 2 studenți	
10. Utilizarea serviciului BLAST iterativ: PSI-BLAST	Activitate practică, subgrupe de 2 studenți	
11. Alinierea multiplă cu programul ClustalX. Serviciul ClustalW la EMBL. Interpretarea rezultatelor alinierii.	Activitate practică, subgrupe de 2 studenți	
12. Editarea alinierilor multiple folosind programul MOLSOFT, Bioedit.	Activitate practică, subgrupe de 2 studenți	
13. Arbori filogenetici cu Clustal X, MEGA. Construirea unor arbori pentru proteine (enzima fenilalanin amoniac liaza PAL).	Activitate practică, subgrupe de 2 studenți	
14. Verificarea însușirii 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.	Seminar frontal. Exerciții pe calculator. Predarea temelor de casă.	
Bibliografie Tutorialele bazelor de date NCBI, EMBL, PDB, UniProt, Expasy și a programelor Snapgene, Pymol, Molsoft, Bioedit (accesare Internet).		

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

<ul style="list-style-type: none"> Cursul are un conținut similar cursurilor din alte universități europene și ține cont de nivelul de pregătire ale studenților; Cursul și lucrările de laborator sunt fundamentale pentru dezvoltarea competențelor de lucru în laboratoare diverse bazate pe manipularea, prelucrarea și analiza secvențelor nucleotidice 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	Asimilarea conținutului informațional	Examen scris	60%
	Abilitatea utilizării conceptelor/noțiunilor		


10.5 Seminar/laborator	Deprinderi de lucru în manipularea și analiza secvențelor	Evaluarea fiecărei sesiune de laborator; seminar frontal în 2 etape (sapt. 7 și 14) și evaluarea prezentării PP.	40%
	Capacitatea de a explica protocolul de lucru bioinformatic și de a interpreta rezultatele.		
10.6 Standard minim de performanță			
<ul style="list-style-type: none"> • Cunoașterea a 50% din informația conținută în curs; • Dobândirea a 50% din abilitățile analitice practice. 			

Data completării

05 aprilie 2020

Semnătura titularului de curs

Lect. Dr. László-Csaba Bencze



Semnătura titularului de seminar

Lect. Dr. László-Csaba Bencze



Data avizării în departament

13.04.2020

Semnătura directorului de departament

Acad. Cristian Silvestru

