

## FIȘA DISCIPLINEI

### 1. Date despre program

1.1 Instituția de învățământ superior	Universitatea Babeș-Bolyai
1.2 Facultatea	Facultatea de Matematica și Informatică
1.3 Departamentul	Departamentul de Informatică
1.4 Domeniul de studii	Informatică
1.5 Ciclul de studii	2 ani, cu frecvență
1.6 Programul de studiu / Calificarea	Calcul de înaltă performanță și analiză a volumelor mari de date/High Performance Computing and Big Data Analytics

### 2. Date despre disciplină

2.1 Denumirea disciplinei	<b>Bioinformatică</b>						
2.2 Titularul activităților de curs	Prof. dr. Nicolae Dragoș						
2.3 Titularul activităților de seminar	Prof. dr. Nicolae Dragoș						
2.4 Anul de studiu	2	2.5 Semestrul	1	2.6. Tipul de evaluare	E	2.7 Regimul disciplinei	O

### 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	48	Din care: 3.5 curs	24	3.6 seminar/laborator	24
Distribuția fondului de timp:					ore
Studiul după manual, suport de curs, bibliografie și notițe					14
Documentare suplimentară în bibliotecă și pe platformele electronice de specialitate					16
Pregătire seminarii/laboratoare și prezentări PP					8
Tutoriat					6
Examinări					3
Alte activități: .....					
3.7 Total ore studiu individual		47			
3.8 Total ore pe semestru		95			
3.9 Numărul de credite		8			

### 4. Precondiții (acolo unde este cazul)

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

### 5. Condiții (acolo unde este cazul)

5.1 De desfășurare a cursului	<ul style="list-style-type: none"> <li>Suport logistic video, laborator de calculatoare conectate la rețea (Internet)</li> </ul>
-------------------------------	--

5.2 De desfășurare a  
seminarului/laboratorului

- Participarea la minim 80% din lucrarile de laborator este conditie pentru participarea la examen

## 6. Competențele specifice acumulate

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

## 7. Obiectivele disciplinei (reieșind din grila competențelor acumulate)

7.1 Obiectivul general al disciplinei	<ul style="list-style-type: none"> <li>Asimilarea cunoștințelor de bază referitoare la stocarea, accesarea și analiza secvențelor biologice (de nucleotide și de aminoacizi).</li> <li>Înșușirea principiilor metodologice și a principalelor tehnici de prelucrare computerizată a secvențelor</li> </ul>
7.2 Obiectivele specifice	<ul style="list-style-type: none"> <li>Oținerea unor deprinderi practice de utilizare a bazelor de date de secvență și de analiză bioinformatică a secvențelor prin utilizarea unor pachete software specifice.</li> </ul>

## 8. Conținuturi

8.1 Curs	Metode de predare	Observații
<b>1. Ce este bioinformatica ? Domenii de aplicabilitate.</b> Dogma centrală a bioinformaticii. Necesitatea bioinformaticii. Conținutul bioinformaticii. Relația bioinformaticii cu alte discipline ale biologiei.	Prelegere frontală, suport video	
<b>2. Introducere în Internet; resurse pentru biologia moleculară.</b> Arhitectura client-server. Identificarea neambiguă a calculatoarelor. Protocoale de comunicare. Protocoale ale aplicațiilor Internet. Biblioteci virtuale și motoare de căutare.	Prelegere frontală, suport video	
<b>3. Bazele de date în biologia moleculară. Bazele de date de secvențe nucleotidice.</b> 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	
<b>4. Bazele de date de secvențe de aminoacizi (proteine).</b>	Prelegere frontală, suport	

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.	video	
<b>5. Bazele de date de secvențe genomice complete.</b> Bazele de date ale genomurilor procariote (Archaea și Bacteria). Bazele de date ale genomurilor eucariote: fungi, protozoare plante și vertebrate. Genomul uman.	Prelegere frontală, suport video	
<b>6. Analiza comparată a secvențelor biologice: alinierea.</b> 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	
<b>7. Alinierea grafică a perechilor de secvențe. Metode de aliniere optimă a perechilor de secvențe.</b> Alinierea „dot plot” (DotPlot și DotLet). Alinierea optimă – programarea dinamică. Alinieri globale și locale ale perechilor de secvențe.	Prelegere frontală, suport video	
<b>8. Interogarea bazelor de date – BLAST și FASTA</b> Scopurile interogării. Interogarea prin metode euristice. Algoritmul BLAST. Programe și servicii BLAST pentru secvențe de aminoacizi și proteine.	Prelegere frontală, suport video	
<b>9. Semnificația alinierii perechilor de secvențe.</b> Criterii biologice. Statistica interogării bazelor de date. Parametrii statistici ai interogării. Interpretarea interogării BLAST.	Prelegere frontală, suport video	
<b>10. Interogarea BLAST avansată.</b> Site-uri și servere BLAST specializate. Ensemble. BLAST iterativ: PSI-BLAST. Interogarea BLAST cu pattern-uri de secvență-PHI-BLAST.	Prelegere frontală, suport video	
<b>11. Alinierea multiplă (MSA).</b> 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.	Prelegere frontală, suport video	
<b>12. Bioinformatica exprimării genice.</b> Analiza datelor de exprimare genică (microarray): procesarea datelor, normalizări globale și locale. Semnificația statistică a datelor. Analiza cluster ierarhică.	Prelegere frontală, suport video	
<b>13. Arbori filogenetici. Introducere în filogenia moleculară.</b> Morfologia și proprietățile arborilor. Arbori cu rădăcină și fără rădăcină. Monofilie, parafilie și polifilie. Filogenia organismelor – filogenia genelor.	Prelegere frontală, suport video	
<b>14. Inferența filogenetică (reconstrucția arborilor filogenetici).</b> Clasificarea metodelor de inferență filogenetică. Metoda UPGMA. Metoda “neighbour joining” (NJ). Metoda parcimoniei maxime. Metoda verosimilității maxime (“maximum likelihood” – ML). Testarea arborilor filogenetici.	Prelegere frontală, suport video	
<b>Bibliografie</b>		
Brown, S.M., 2000, <i>Bioinformatics: A Biologist's Guide to Biocomputing and the Internet</i> , Eaton Publ., New York.		
Pevsner, J., 2009, <i>Bioinformatics and functional Genomics</i> , Wiley-Blackwell, New Jersey.		
Xiong, J., 2006, <i>Essential Bioinformatics</i> , Cambridge Univ. Press, Cambridge.		
8.2 Seminar / laborator	Metode de predare	Observații
<b>1.</b> Documentarea în biologia moleculară folosind resursele Internet (Pubmed și OMIM). Construirea unei baze de date de literatură proprii folosind programul Reference Manager.	Activitate practică, subgrupe de 2 studenți	
<b>2.</b> Bazele de date primare de nucleotide. Colaborarea internațională NCBI/EMBL/DDBJ. Cautarea specifică,	Activitate practică, subgrupe	

structura fișierelor și interpretarea adnotărilor. Descărcarea informației de secvență.	de 2 studenți	
3. Căutarea secvențelor specifice în funcție de calea metabolică – resurse DDBJ.	Activitate practică, subgrupe de 2 studenți	
4. Simularea unei depuneri de secvență la GenBank cu programul Sequin.	Activitate practică, subgrupe de 2 studenți	
5. Bazele de date de proteine. Utilizarea serviciilor Swissprot.	Activitate practică, subgrupe de 2 studenți	
6. Vizualizarea proteinelor, acizilor nucleici și a complexelor de macromolecule (fișiere pdb) cu Vector NTI și RasTop.	Activitate practică, subgrupe de 2 studenți	
7. Verificarea însușirii deprinderilor practice de utilizare a bazelor de date și serviciilor acestora (lucrările 1-6). Prezentarea individuală, de către fiecare student, a unei baze de date selectate din revista NAR (nr. Ianuarie, a.c.).	Seminar frontal. Prezentări PP.	
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 BioEdit.	Activitate practică, subgrupe de 2 studenți	
13. Arbori filogenetici cu Clustal X, MEGA și PAUP. Construirea unor arbori pe baza secvențelor ARNr/ADNr 16 S, respectiv proteine (proteina de diviziune celulară FtsZ).	Activitate practică, subgrupe de 2 studenți	
14. Verificarea însușirii deprinderilor practice de aliniere simplă și multiplă, de editare a secvențelor aliniate și de construire a arborilor filogenetici pe baza secvențelor de nucleotide și de aminoacizi.	Seminar frontal. Execitii pe calculator.	
<b>Bibliografie</b> Tutorialele bazelor de date NCBI, EMBL și SwissProt (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"> <li>• Cursul are un conținut similar cursurilor din alte universități europene și ține cont de nivelul de pregătire ale studenților;</li> <li>• 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.</li> </ul>
--

### 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 sesiuni 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"> <li>• Cunoașterea a 50% din informația conținută în curs;</li> <li>• Dobândirea a 60% din abilitățile analitice practice.</li> </ul>			

Data completării

18 februarie 2013

Semnătura titularului de curs

Prof. Dr. Nicolae Dragoș

Semnătura titularului de seminar

Prof. Dr. Nicolae Dragoș

Data avizării în departament

Semnătura directorului de departament

Șef lucrări Dr. Anca Keul