

FIȘA DISCIPLINEI ¹

1. Date despre program

1.1 Instituția de învățământ superior	Universitatea Politehnica Timișoara
1.2 Facultatea ² / Departamentul ³	Facultatea de Electronică, Telecomunicații și Tehnologii Informaționale / Departamentul de Automatică și Informatică Aplicată
1.3 Catedra	—
1.4 Domeniul de studii (denumire/cod ⁴)	Inginerie Electronică, Telecomunicații și Tehnologii Informaționale / 202010i
1.5 Ciclu de studii	Master
1.6 Programul de studii (denumire/cod/calificarea)	Electronică Biomedicală / 202010 / 2152

2. Date despre disciplină

2.1 Denumirea disciplinei	Bioinformatică structurală						
2.2 Titularul activităților de curs	Prof.dr. Gheorghe Ioan Mihalăș						
2.3 Titularul activităților aplicative ⁵	Lector dr. Anca Tudor						
2.4 Anul de studiu ⁶	2	2.5 Semestrul	3	2.6 Tipul de evaluare	E	2.7 Regimul disciplinei	DS

3. Timp total estimat - ore pe semestru (activități directe (asistate integral), activități asistate parțial și activități neasistate ⁷)

3.1 Număr de ore asistate integral/săptămână	4 , din care:	3.2 ore curs	2	3.3 ore seminar/laborator/proiect		2
3.1* Număr total de ore asistate integral/sem.	56 , din care:	3.2* ore curs	28	3.3* ore seminar/laborator/proiect		28
3.4 Număr de ore asistate parțial/saptămână	, din care:	3.5 ore proiect, cercetare		3.6 ore practică		3.7 ore elaborare lucrare de disertație
3.4* Număr total de ore asistate parțial/semestru	, din care:	3.5* ore proiect cercetare		3.6* ore practică		3.7* ore elaborare lucrare de disertație
3.8 Număr de ore activități neasistate/săptămână	4 , din care:	ore documentare suplimentară în bibliotecă, pe platformele electronice de specialitate și pe teren				1
		ore studiu individual după manual, suport de curs, bibliografie și notițe				1
		ore pregătire seminarii/laboratoare, elaborare teme de casă și referate, portofolii și eseuri				2
3.8* Număr total de ore activități neasistate/ semestru	56 , din care:	ore documentare suplimentară în bibliotecă, pe platformele electronice de specialitate și pe teren				14
		ore studiu individual după manual, suport de curs, bibliografie și notițe				14
		ore pregătire seminarii/laboratoare, elaborare teme de casă și referate, portofolii și eseuri				28
3.9 Total ore/săptămână ⁸	8					
3.9* Total ore/semestru	112					
3.10 Număr de credite	5					

4. Precondiții (acolo unde este cazul)

4.1 de curriculum	•
-------------------	---

¹ Formularul corespunde Fișei Disciplinei promovată prin OMECTS 5703/18.12.2011 (Anexa3), actualizată pe baza Standardelor specifice ARACIS din decembrie 2016.

² Se înscrie numele facultății care gestionează programul de studiu căruia îi aparține disciplina.

³ Se înscrie numele departamentului căruia i-a fost încredințată susținerea disciplinei și de care aparține titularul cursului.

⁴ Se înscrie codul prevăzut în HG nr. 376/18.05.2016 sau în HG similare actualizate anual.

⁵ Prin activități aplicative se înțeleg activitățile de: seminar (S) / laborator (L) / proiect (P) / practică (Pr).

⁶ Anul de studii la care este prevăzută disciplina în planul de învățământ.

⁷ În cadrul UPT, numărul de ore de la rubricile 3.1*, 3.2*,...,3.9* se obțin prin înmulțirea cu 14 (săptămâni) a numărului de ore din rubricile 3.1, 3.2,..., 3.9. Informațiile din rubricile 3.1, 3.4 și 3.8 sunt chei de verificare folosite de ARACIS sub forma: (3.1)+(3.4) ≥ 28 ore/săpt. și (3.9) ≤ 40 ore/săpt.

⁸ Numărul de ore total/săptămână se obține prin însumarea numărului de ore de la punctele 3.1, 3.4 și 3.8.

4.2 de competențe	•
-------------------	---

5. Condiții (acolo unde este cazul)

5.1 de desfășurare a cursului	•
5.2 de desfășurare a activităților practice	•

6. Competențe la formarea cărora contribuie disciplina

Competențe specifice	<ul style="list-style-type: none"> Înțelegerea tipurilor de informații ce pot fi extrase prin prelucrările de date specifice din bioinformatică și a aplicațiilor acestora în cercetarea și practica medicală Capacitatea de selectare a bazelor de date specifice și a algoritmilor adecvați pentru prelucrarea datelor de analiză secvențială sau filogenetică Interpretarea rezultatelor obținute prin prelucrările de date moleculare Cunoașterea limitelor metodelor actuale de investigare la scară moleculară, de interpretare și de utilizare a rezultatelor
Competențele profesionale în care se înscriu competențele specifice	<ul style="list-style-type: none"> CC1. Capacitatea de abordare interdisciplinară, pe bază de cunoștințe ingineresti și medicale, definirea problemelor, identificarea soluțiilor și managementul proiectelor sistemelor electronice utilizate în medicină. CC2. Aplicarea metodelor de testare, diagnoză și a principiilor de ingineria calității pentru aplicații software implementate pe sisteme electronice utilizate în medicină. CC3. Dezvoltarea de aplicații hardware și software pentru sistemele biomedicale prin folosirea de tehnologii electronice de actualitate. CC4. Rezolvarea inovativă de probleme pe bază de cooperare interdisciplinară și lucru în echipă..
Competențele transversale în care se înscriu competențele specifice	<ul style="list-style-type: none"> CT1. Abilități de comunicare interdisciplinară, organizare și management al lucrului în echipă de cercetare pluridisciplinară, cu asumarea de responsabilități pe diferite paliere ierarhice. CT2. Identificarea oportunităților de formare continuă și utilizarea eficientă, pentru dezvoltarea personală, a surselor informaționale și de formare, atât în limba română cât și într-o limbă de circulație internațională. CT3. Abilități critice, inovatoare și de cercetare, coroborate cu identificarea propriilor necesități de învățare și formare. CT4. Executarea sarcinilor profesionale complexe, cu respectarea normelor de etică și de conduită morală.

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

7.1 Obiectivul general al disciplinei	<ul style="list-style-type: none"> Familiarizarea cu problemele fundamentale din bioinformatică: înțelegerea stocării moleculare și a transmiterii informației biologice la nivel celular
7.2 Obiectivele specifice	<ul style="list-style-type: none"> Accesarea, găsirea și analiza datelor disponibile în diferite baze de date bioinformatic, utilizarea procedurilor standard pentru prelucrarea datelor; Înțelegerea bazelor teoretice de realizare a bazelor de date genomice și proteomice precum și a metodelor de analiză secvențială, de predicție structurală utilizate în biologia moleculară și de construcție a arborilor filogenetici; Introducerea în metodologia construcției modelelor matematice și a programelor de simulare pe calculator a proceselor de reglare în cinetica moleculară precum și cunoașterea aplicațiilor bioinformaticii în cercetarea și practica medicală modernă

8. Conținuturi

8.1 Curs	Număr de ore	Metode de predare
1. Noțiuni introductive de biochimie și biologie moleculară (I) Nucleotide. ADN și ARN. Structura primară și secundară a acizilor nucleici	2	prelegere
2. Noțiuni introductive de biochimie și biologie moleculară (II) Aminoacizi. Structura primară, secundară și terțiară a proteinelor. Sinteza proteinelor, codul genetic. Mecanisme de reglare și control al sintezei proteinelor	2	
3. Noțiuni introductive de biochimie și biologie moleculară (III) Noțiuni fundamentale de genetică, genetica mendeliană, teoria cromozomală. Gene, hărți genetice, boli genetice	2	

4. Introducere în bioinformatică, analiza secvențială (I) Obiectul bioinformaticii, dogma centrală a bioinformaticii. Baze de date moleculare: secvențe nucleotidice, secvențe proteice. Analiza secvențelor individuale, identificare motive, proprietăți	2		
5. Introducere în bioinformatică, analiza secvențială (II) Analiza secvențială, alinierea perechilor: distanțe, programare dinamică, algoritmi de aliniere globală (Needleman-Wunsch) și locală (Watermann-Smith), backtracking	2		
6. Introducere în bioinformatică, analiza secvențială (III) Alinierea secvențelor multiple. Alinierea progresivă, modelul stea, modelul arbore. Alinieri particulare. Secvențe repetitive, secvențe suprapuse, gap-uri afine	2		
7. Introducere în bioinformatică, analiza secvențială (IV) Matrici de substituție PAM și Blosum. Matrici de substituție pentru nucleotide, metoda Jukes-Cantor, metoda Kimura	2		
8. Analiză structurală (I) Open Reading Frames (ORF). Lanțuri Markov simple. Probabilități Laplace..	2		
9. Analiză structurală (II) Lanțuri Markov de ordin superior, lanțuri neomogene, identificarea genelor	2		
10. Analiză structurală (III) Modele Markov ascunse (HMM), algoritmul Viterbi. Identificarea insuleleor CpG	2		
11. Analiza filogenetică (I) Tipuri de arbori, topologii, distanțe, proprietățile distanțelor; ceas molecular, date ultrametrice	2		
12. Analiza filogenetică(II) Metode de construcție a arborilor filogenetici: metoda grupării, algoritmul UPMGA, metoda neighbour joining	2		
13. Analiza filogenetică (III) Metode bazate pe parsimonie, algoritmul Fitch. Parsimonie ponderată, algoritmul Sankoff.	2		
14. Modelare statistică. Prelucrări avansate de date. Metode și etape de construcție a modelelor matematice. Modele continue și discrete. Modele oscilatorii, modele cu mai multe stări staționare. Modelare și analiză statistică în genetică și bioinformatică. Tendințe actuale în bioinformatică	2		
1. Bibliografie ⁹ 2. G I Mihalas, Anca Tudor, S Paralescu: Bioinformatica. Ed Victor Babes Timisoara, 2011 3. A M Lesk: Introduction to Bioinformatics, Oxford University Press, 2008 (si editia 2005) 4. R Durbin et al: Biological Sequence Analysis, Cambridge University Press, 2002 5. G I Mihalas, D Lungeanu : Informatica Medicala, Ed Victor Babes Timisoara, 2009 6. J H van Bommel, M A Musen: Medical Informatics, Springer, Heidelberg, 1998			
8.2 Activități aplicative ¹⁰	Număr de ore		Metode de predare
1.BAZE DE DATE – BD integrată NCBI (I) Utilizarea motorului de căutare al NCBI și modulul PubMed	2		Activitate practică
2.BAZE DE DATE – BD integrată NCBI (II) Programele BLAST și FASTA	2		
3.Studiu bibliografic comparativ, cu exemple ilustrate, utilizând	2		

⁹ Cel puțin un titlu trebuie să aparțină colectivului disciplinei. De asemenea, cel puțin un titlu trebuie să se refere la o lucrare de referință pentru disciplină, lucrare de circulație națională și internațională, existentă în biblioteca UPT.

¹⁰ Tipurile de activități aplicative sunt cele precizate în nota de subsol 5. Dacă disciplina conține mai multe tipuri de activități aplicative atunci ele se trec consecutiv în liniile tabelului de mai jos. Tipul activității se va înscrie într-o linie distinctă sub forma: „Seminar:”, „Laborator:”, „Proiect:” și/sau „Practică:”.

programele FASTA vs BLAST		
4.Căutări în bazele de date după secvențe de gene Determinarea cromozomului pe care se află o secvență de nucleotide Căutări în bazele de date după secvențe de nucleotide Determinarea secvențelor de nucleotide responsabile de apariția unor diagnostice	2	
5.Căutare în BD după secvența de aminoacizi Găsirea gradului de potrivire al secvenței de aminoacizi introduse Structura secundară, terțiară și cuaternară a proteinelor	2	Activitate practică
6. Programul PDB. Explorarea structurilor proteice cu PDB (Protein Data Bank) Vizualizarea și recunoașterea structurilor secundare, terțiare și cuaternare a proteinelor	2	Activitate practică
7.Construirea unui „dot plot” pentru secvențe de nucleotide Calcularea distanței Levenshtein între două secvențe de nucleotide	2	Activitate practică
8. Introducere în programul Cn3D Vizualizarea structurilor cu programul Cn3D Prezentarea programului Rasmol Vizualizarea structurilor cu programul Rasmol	2	Activitate practică
9.Aplicația Vector NTI – programul Align X (I) Compararea secvențelor ADN și a secvențelor proteice Descrierea generală a unei proteine, determinarea numărului de aminoacizi din care e formată, funcția ei, greutatea moleculară și încărcarea electrică.	2]	Activitate practică
10.Aplicația Vector NTI – programul Align X (II) Alinierea proteinelor Vizualizarea arborelui filogenetic Afișarea aliniamentului folosind matricile de scor.	[2]	
11.Calculul matricei de scoruri asociată alinierii a două secvențe de nucleotide, cu ajutorul algoritmilor Needleman-Wunsch și Smith-Waterman	[2]	
12.Programul ClustalX. Alinierea multiplă a secvențelor de proteine Vizualizarea arborelui filogenetic Setarea parametrilor aliniamentului Scriere aliniamentului ca fișier Postscript	[2]	
13.Analiza facilităților oferite de BioPython și BioWeka.	[2]	
14.Studiul comparativ al instrumentelor software pt analiza structurii proteinelor	[2]	
Bibliografie ¹¹ 1. G I Mihalas, Anca Tudor, S Paralescu: Bioinformatica. Ed Victor Babes Timisoara, 2011 2. J-M Claverie, C Notredame: Bioinformatics for Dummies, Wiley Publ Inc, Hoboken NJ, 2007 3. A M Lesk: Introduction to Bioinformatics, Oxford University Press, 2008 (și editia 2005)		

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

- Structura și conținutul cursului sunt în concordanță cu cursurile introductive de bioinformatică predate la alte universități din străinătate (John Hopkins sau Stanford) sau programe master similare din țară.

¹¹ Cel puțin un titlu trebuie să aparțină colectivului disciplinei.

10. Evaluare

Tip activitate	10.1 Criterii de evaluare ¹²	10.2 Metode de evaluare	10.3 Pondere din nota finală
10.4 Curs	1. Rezolvarea unor probleme: matricea alinierii a două secvențe, distanțe, ORF, probabilități Laplace, construcția unui arbore filogenetic 2. Prezentarea unui proiect privind caracteristicile unor unelte software utilizate în bioinformatică	examen scris proiect	30%+30%
10.5 Activități aplicative	S:		
	L:		
	P: evaluarea abilităților practice de a căuta informațiile pe site-urile specifice, de a utiliza programele specifice și de a interpreta rezultatele	Rezolvarea practică al unui subiect extras	40%
	Pr: Proiectul este evaluat împreună cu activitatea de la curs		
	Tc-R¹³:		
10.6 Standard minim de performanță (volumul de cunoștințe minim necesar pentru promovarea disciplinei și modul în care se verifică stăpânirea lui) ¹⁴			
<ul style="list-style-type: none"> Elementele incluse în standardul minim de promovare cuprind: - cunoașterea noțiunilor de bază privind: structura primară a proteinelor și acizilor nucleici, conceptul de cod genetic - compararea a două secvențe, distanțe, principiile programării dinamice - structura generală a bazelor de date, principalele unelte software utilizate în bioinformatică Nota finală este media ponderată a componentelor de curs, respectiv laborator. Media minimă de promovare este 5, cu condiția ca fiecare notă componentă să fie cel puțin egală cu 5. Toate sesiunile au aceleași criterii de notare; componentele promovate într-o sesiune sunt recunoscute la examenul de restanță sau mărire. 			

Data completării

09.05.2019

Titular de curs
(semnătura)

.....

Titular activități aplicative
(semnătura)

.....

Director de departament
(semnătura)

.....

Data avizării în Consiliul Facultății¹⁵

14.05.2019

Decan
(semnătura)

.....

¹² Fișele disciplinelor trebuie să conțină procedura de evaluare a disciplinei cu precizarea criteriilor, a metodelor și a formelor de evaluare, precum și cu precizarea ponderilor atribuite acestora în nota finală. Criteriile de evaluare trebuie să corespundă tuturor activităților prevăzute în planul de învățământ (curs, seminar, laborator, proiect), precum și formelor de verificare pe parcurs (teme de casă, referate ș.a.)

¹³ Tc-R=teme de casă - Referate

¹⁴ Pentru acest punct se recomandă consultarea "Ghidului de completare a Fișei disciplinei" de la adresa:

http://univagora.ro/m/filer_public/2012/10/21/ghid_de_completare_fisa_disciplinei.pdf

¹⁵ Avizarea este precedată de discutarea punctului de vedere al board-ului, de care aparține programul de studiu, cu privire la fișa disciplinei.