

**SYLLABUS**  
pentru disciplina:

**“BIOINFORMATICĂ ȘI MODELARE STATISTICĂ”**

**FACULTATEA** Automatică și Calculatoare

**DOMENIUL /SPECIALIZAREA** Ingineria sistemelor/ Sisteme informatice în îngrijirea sănătății

**Anul de studii:** master

**Semestrul** 1

<b>Titularul cursului:</b> Prof Dr Mihalaș Gheorghe-Ioan					
<b>Colaboratori:</b> Dr. mat. Anca TUDOR					
<b>Numar de ore/saptamana/Verificarea/Credite</b>					
<b>Curs</b>	<b>Seminar</b>	<b>Laborator</b>	<b>Proiect</b>	<b>Examinare</b>	<b>Credite</b>
<b>2</b>	<b>0</b>	<b>1</b>	<b>0</b>	<b>E</b>	<b>8</b>

**A. OBIECTIVELE CURSULUI**

Scopul cursului este familiarizarea cu problemele fundamentale din bioinformatică: accesarea, găsirea și analizarea datelor disponibile în diferite baze de date bioinformatică, utilizarea procedurilor standard pentru prelucrarea datelor, înțelegerea bazelor teoretice care au stat la baza construcției bazelor de date genomice și proteomice precum și a metodelor de analiză secvențială și predicție structurală utilizate în biologia moleculară.

Contribuția procentuală în cadrul competențelor: Identificarea și formularea de probleme specifice sistemelor informatice din îngrijirea sănătății și capacitatea de utilizare pentru elaborare de specificații și proiecte, 60%, Proiectarea, implementarea, testarea, evaluarea, utilizarea, administrarea și mentenanța aplicațiilor informatice de îngrijire a sănătății, utilizând diverse tehnologii de programare, 40%.

**B. SUBIECTELE CURSULUI**

1. *Introducere în Biologia Moleculară (4 ore)*
  - 1.1. Gene. Structura acizilor nucleici
  - 1.2. Structura proteinelor. Sinteza proteinelor.
  - 1.3. Obiectul bioinformaticii.
2. *Baze de date (4 ore)*
  - 2.1. secvențe nucleotidice.
  - 2.2. secvențe proteice.
  - 2.3. structuri proteice.
3. *Analiza secvențială (4 ore)*
  - 3.1. alinierea perechilor.
  - 3.2. alinierea secvențelor multiple.
  - 3.3. alinierea structurilor proteice.
4. *Analiză structurală (6 ore)*
  - 4.1. Predicția structurii secundare a proteinelor.
  - 4.2. Structuri 3D. Structura terțiară a proteinelor. Modelarea comparativă.
  - 4.3. Modelare și analiză statistică în genetică.
5. *Prelucrări avansate de date (6 ore)*
  - 5.1. Analiza filogenetică.
  - 5.2. Expresia genică. Prelucrarea datelor de microarray.
  - 5.3. Dezvoltarea suportului software pentru bioinformatică. Pachete statistice adiacente
6. *Perspective în genomică și proteomică. (4 ore)*

**C. SUBIECTELE APLICATIILOR (laborator, seminar, proiect)**

1. Baze de date I: secvențe nucleotidice. EMBL, GeneBank
2. Baze de date II: secvențe proteice. SwissProt
3. Baze de date III: structuri proteice. PDB
4. Analiza secvențială I: alinierea perechilor. BLAST

5. *Analiza secvențială II: alinierea secvențelor multiple. PSI-BLAST*
6. *Analiza secvențială III: alinierea structurilor proteice. RMSD*
7. *Predicția structurii secundare a proteinelor. PHD, Swiss-Modeller*

1 oră/modul

**D. BIBLIOGRAFIE** *Se indică maximum trei titluri bibliografice de referință*

1. Arthur M. Lesk, *Introduction to Bioinformatics*, Oxford University Press, 2002
2. David W. Mount, *Bioinformatics: Sequence and Genome Analysis*, Cold Spring Harbor Laboratory Press, 2001,
3. Teresa Attwood, David Parry-Smith, *Introduction to Bioinformatics*, Prentice Hall, 2001

**E. PROCEDURA DE EVALUARE**

*Examen scris 2 ore, 3 subiecte: unul de fundamente teoretice, unul din baze de date, unul din analiza secvențială. Pondere scris 50%. Examen practic: găsirea unei secvențe în bazele de date și prelucrarea ei – pondere 25%. Activitatea din timpul anului 25%.*

**F.COMPATIBILITATE INTERNATIONALA**

1. Kansas University: [www.ku.edu](http://www.ku.edu), [www.itc.ku.edu/research/view\\_lab.phtml?lab=BCLSL](http://www.itc.ku.edu/research/view_lab.phtml?lab=BCLSL)
2. Maquette University, Milwaukee, Wisconsin: <http://www.mscs.mu.edu/mscs/>
3. Johns Hopkins University, Baltimore, Md: [www.jhu.edu](http://www.jhu.edu)

Data: 30 Sept 2008

**ȘEF DE CATEDRĂ,**

Prof Dr G I Mihalaș

**TITULAR DE DISCIPLINĂ,**

Prof Dr G I Mihalaș