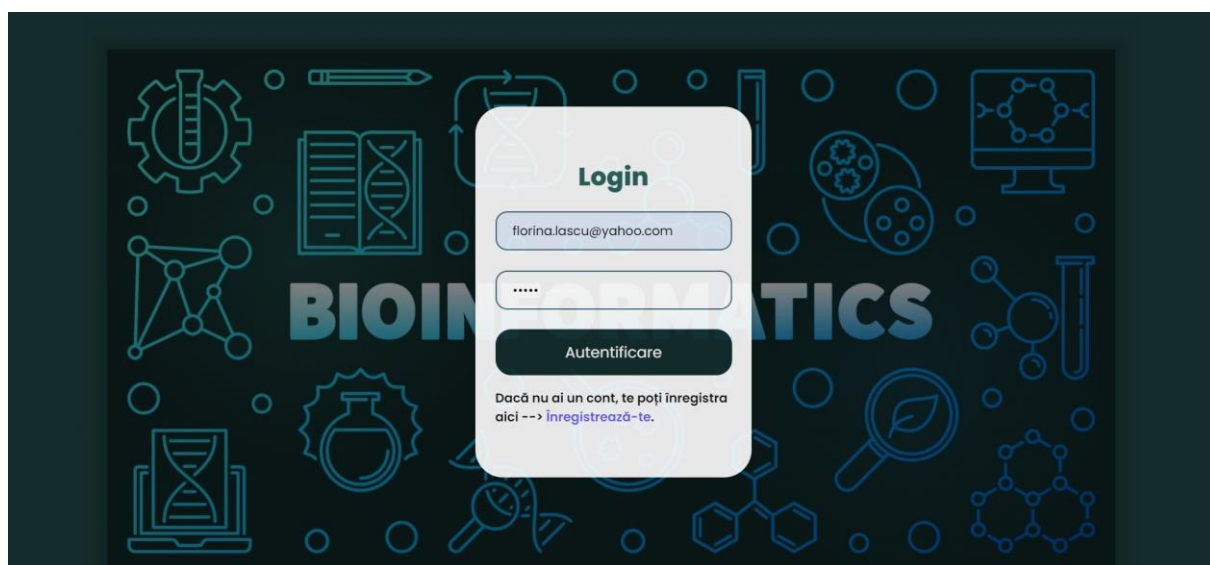


# Bibliografie

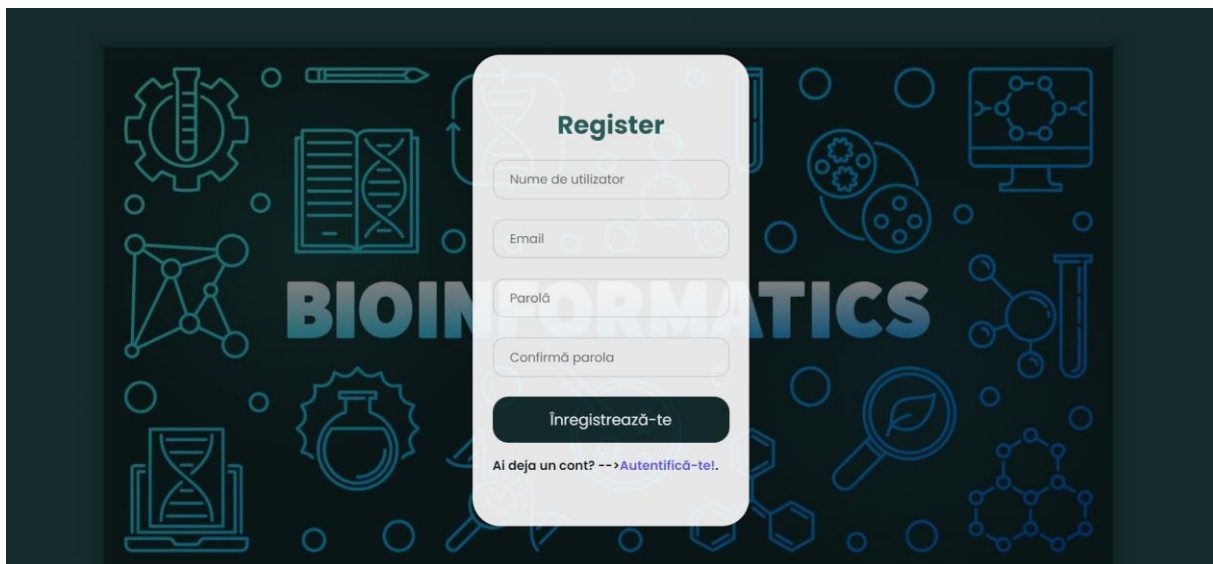
Site-ul realizat prezinta informatii utile despre bioinformatica, un subiect important in lumea stiintifica,avand ca si componente o parte de logare a utilizatorului, crearea unui cont pe site, informatii utile despre acest subiect, cat si o prezentare 3D a moleculei de ADN.

Prima parte a site-ului este reprezentata de pagina de logare, care ii este cerut utilizatorului o adresa de email si o parola pentru a accesa informatiile site-ului.



Butonul “Inregistreaza-te” permite utilizatorului a-si face cont pe acest site, fiind necesare adresa de email, parola si confirmarea parolei.

In cazul in care exista deja un cont ce utilizeaza o aumita adresa de email, utilizatorul va fi trimis la pagina initiala.



Pagina de logare a fost realizata cu ajutorul php si MYSQL,utilizand baza de date admin.

```
<?php

$server = "localhost";
$user = "admin";
$pass = "admin";
$database = "admin";

$conn = mysqli_connect($server, $user, $pass, $database);

if (!$conn) {
    die("<script>alert('Connection Failed.*)</script>");
}

?>
```

Pagina principala este alcatuita din doua divuri principale, primul div, cel de sus care contine butonul de delogare si cel de al doilea, ce contine butonul "Citeste" ce redirectioneaza utilizatorul spre sectiuea de informatii si butonul "Descopera" care are ca scop redirectionarea utilizatorului spre reprezentarea 3D a molecule de AND.

```

<div id="container">
  <div class="panel" id="one">
    <div class="text">
      <h3>CATEVA</h3>
      <h1>INFORMATII</h1></div>
      <div class="bottom button1"><a href="informatii.html">CITESTE</a></div>
    </div>
    <div class="panel" id="two">
      <div class="text">|
        <h3>MODEL</h3>
        <h1>3D</h1></div>
        <div class="bottom button2"><a href="3d.html">DESCOPERA</a></div>
      </div>
    </div>
  </div>

```



Stilizarea paginii a fost realizata utilizand css pentru elemente precum butoanele.

```

.bottom {
    position: absolute;
    left: 0;
    bottom: 0;
    width: 62.5%;
    height: 12%;
    text-align: center;
    border-bottom: 10px solid transparent;
}

.bottom > a {
    text-align: center;
    text-decoration: none;
    text-transform: uppercase;
    font-family: 'Quicksand', sans-serif;
    font-weight: bold;
    color: ■ #FFFFFF;
    height: 80px;
    padding: 9px 20px 10px;
    border: 3px solid ■ #D8334A;
    border-radius: 400px;
}

.bottom > a:hover {
    background-color: ■ #D8334A;
}

.button1{
    margin-left: 150px;
}

.button2{
    margin-left: 160px;
}

```

Astfel, la apasarea butonului, acesta se coloreaza (element realizat cu ajutorul clasei `.bottom > a:hover`).

Pagina de informatii este realizata cu ajutorul elementelor de html si css.

# BIOINFORMATICA

Bioinformatica este un domeniu al științei în care biologia, știința despre calculatoare și tehnologia informației se contopesc într-o singură disciplină. Scopul final al acestei științe este de a permite atât descoperirea unor noi cunoștințe în biologie, cât și de a crea o perspectivă globală din care principiile unificatoare ale biologiei să poată fi deosebite. Există trei direcții majore de cercetare în bioinformatică:

- dezvoltarea unor noi algoritmi și statistici cu ajutorul cărora să poată fi extrase, dintr-un număr mare de date, acele elemente care prezintă trăsături comune.
- analiza și interpretarea diferitelor tipuri de date referitoare la secvențele de nucleotide și aminoacizi, structura proteinelor.
- dezvoltarea și implementarea unor unelte care să permită accesul eficient și manipularea diferitelor tipuri de informații.

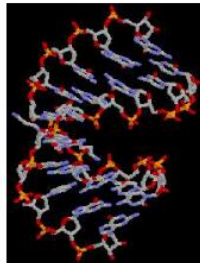
## De ce este necesară bioinformatica?

Răsiunile utilizării metodelor informatice în rezolvarea problemelor din biologie cuprind:

- o creștere explozivă a informațiilor biologice care impun utilizarea calculatoarelor la catalogarea și regăsirea informațiilor
- o perspectivă mai largă atunci când sunt proiectate experimentele. Pe măsură ce trecem de la paradigma genă/proteină/boală (caracteristic cercetării științifice făcute de grupuri de oameni de știință izolate) către considerarea întregului organism, dobândim tot mai multe și mai profunde cunoștințe despre sănătate și boală (care necesită coordonarea eforturilor științifice la nivelul globului).

## Despre ce este vorba?

Bioinformatica, ca fundament al "Diagnosticului genetic", spre exemplu, are din ce în ce mai multă influență asupra vieții fiecăruia dintre noi, dar cei mai mulți nu realizează acest lucru.



Bioinformatica asigură baza teoretică și uneltele practice oamenilor de știință pentru explorarea proteinelor și ADN (DeoxyriboNucleic Acid - DNA). ADN-ul și proteinele sunt mari molecule care constau dintr-un lanț de mici radicali numiți nucleotide (mononucleotide), respectiv, aminoacizi. Ei constituie blocurile de construcție utilizate de natură, dar aceste elemente de construcție nu sunt utilizate analog cărămizilor într-o construcție obișnuită, deoarece funcția finală a moleculei depinde foarte mult de ordinea de asamblare a acestor blocuri. Astfel că este posibil să concepi acești radicali ca fiind numerotați.

Structura 3D (tridimensională) depinde de ordinea acestor radicali. Ordinea aminoacizilor unei anumite proteine este moștenită de la ADN corespunzător. Acestă bucată de ADN constă într-o secvență ordonată de nucleotide.

## Proiectul Genomului uman

Proiectul Genomului uman este o cale de a explora celulele corpului nostru. Aproape toate celulele noastre (celulele musculare – care ne fac să zâmbim, celulele creierului – care percep umorul și lucrurile ce ne înconjoară, celulele ochilor noștri – care captează informația optică și o transmit creierului) conțin un set complet al genelor noastre: GENOMUL. Dacă am putea călători în interiorul corpului nostru, într-o celulă, am vedea 23 de perechi de cromozomi împachetați într-un nucleu. Fiecare cromozom conține o lungă spirală de ADN (DNA) (asemănătoare unei scări). Dacă ADN-ul din toți cromozomii unei celule ar fi desfășurat și pus cap la cap s-ar obține un șir de atomi a cărui lungime ar atinge aproximativ doi metri. Dubla spirală a ADN-ului conține patru tipuri de blocuri de construcție (notate A, T, C, G). Un A se împerechează întotdeauna cu un T și un C cu un G. ADN-ul codează cu doar patru litere informația necesară pentru a face fiecare parte a corpului nostru. Fiecare dintre sutele noastre de gene codifică o anumită parte. Molecula p-ARN (RNA-preliminaries) copiază informația unei gene într-o moleculă mesager: ARN-mesager, notat mARN (mRNA). Blocurile de construcție ale mARN și ADN se numesc baze. Bazele unei secvențe de ADN specifică ordinea bazelor unei secvențe de mARN. ADN-ul stă numai în interiorul nucleului. mARN călătorește în citoplasmă. Acolo, o mașină de făcut proteine numită ribozom poate citi mARN pentru a face o anumită proteină. Fiecare trei baze a mARN codifică un aminoacid. Proteinele sunt făcute din aminoacizi. Molecula tARN (transfer RNA) traduce limbajul ADN și mARN în limbajul proteinelor. Molecula tARN aduce aminoacidul potrivit și ribozomul îi leagă împreună construind astfel proteina. Proteinele sunt lucrătorii. Unele formează structurile (precum tendoanele și părul), altele procesează informația ce ne atinge simțurile (prin lumină, pipăit și miros, de exemplu), controlează reacțiile chimice și poartă mesaje între celule.

## Despre istoria Bioinformaticii

În ultimii 20 de ani s-a dovedit că multe proteine, cu diverse origini, dar având funcții similare au secvențe similare de aminoacizi. Prin urmare, există secvențe ADN care sunt similare chiar dacă proteina analizată provine de la specii diferite cum sunt șoarecii și oamenii.



Astfel, căutăm diferențele și similaritățile la nivelul ADN dintre un șoarece și un om pentru foarte multe secvențe similare. Încă de la începutul anilor '90, multe laboratoare analizează întregul genom al câtorva specii cum sunt: bacteriile, fermenții (yeasts), șoarecii și oamenii. În tot timpul acestui efort colaborativ cantități enorme de date sunt colectate și stocate în baze de date, majoritatea dintre ele fiind public accesibile. Pe lângă adunarea acestor date, este necesară compararea acestor secvențe de nucleotide sau de aminoacizi pentru a depista similaritățile și diferențele.

Deoarece nu este foarte ușor să compari secvențe de câteva (sute) de nucleotide sau aminoacizi cu mâna, câteva tehnici numerice au fost dezvoltate pentru a rezolva această problemă. În plus, aceste tehnici sunt mai puțin generatoare de erori decât abordarea manuală. Utilizarea tehnicilor numerice pentru analiza datelor biologice constituie ceea ce astăzi este cunoscut sub numele de Bioinformatică (Biocomputing).



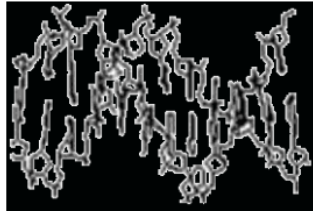
## Bioinformatica la ora actuală

Cățiva algoritmi au fost dezvoltati și implementati pentru a asigura o interfață grafică ce permite utilizatorului accesul la bazele de date existente. În acest mod, compararea secvențelor nou găsite cu acelea stocate în baza de date este o problemă de câteva minute. Dar chiar și așa, este necesară o analiză atentă a rezultatului și, eventual, reluarea căutării în baza de date cu un filtru de selecție mai fin. Astfel, este posibilă determinarea rapidă a diferențelor dintre specii, precum și diferențele dintre un individ sănătos și unul bolnav. Bioinformatica poate de asemenea conduce la o mai bună înțelegere a vieții și a cauzelor moleculare ale diferitelor boli. Una dintre problemele de care se ocupă bioinformatica se referă la crearea și menținerea bazelor de date cu informații biologice. Secvențele de acțiune nucleică (și secvențele proteice legate de ele) constituie majoritatea unor astfel de baze de date. În timp ce stocarea și organizarea milioaneilor de nucleotide este departe de a fi trivială, proiectarea unei baze de date și dezvoltarea unei interfețe prin intermediul căreia cercetătorii pot accesa informația existentă cât și trimite noi date este numai la început.

Cea mai presantă sarcină în bioinformatică implică analiza acestor secvențe informaționale. Bioinformatica (Computational Biology, Bioinformatics) este numele dat acestui proces și implică următoarele:

- Dezvoltarea unor metode de prezicere a structurii și/sau funcției ale proteinelor nou descoperite și ale secvențelor din structura ARN.
- Gruparea proteinelor în familii de secvențe înrudite și dezvoltarea modelelor de proteine.
- Ordonaarea proteinelor similare și generarea arborelui filogenetic pentru examinarea relațiilor de evoluție.

Procesul de evoluție a produs secvențe ADN care codifică proteine cu funcții foarte specifice. Este posibilă prezicerea structurii tridimensionale a unei proteine utilizând algoritmi care au fost deduși din cunoștințele noastre de fizică, chimie și foarte important, din analiza altor proteine cu secvențe de aminoacizi similare. Diagrama din figura 1 prezintă procesul prin care secvențele de ADN sunt folosite la modelarea structurii proteinelor.

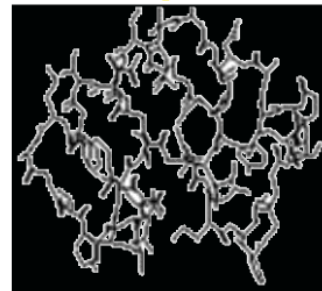


0101#01001010#10111010#  
01010001#10010#1001#101  
10010#100100100101011#0

Reziduu	$\phi$	$\psi$	$\omega$
THR	0.0	147.7	172.9
THR	107.2	-125.3	187.4
CYS	123.4	63.6	103.7
PRO	60.3	83.9	-116.7

ADN → Algoritm → Model proteic

Evoluție naturală

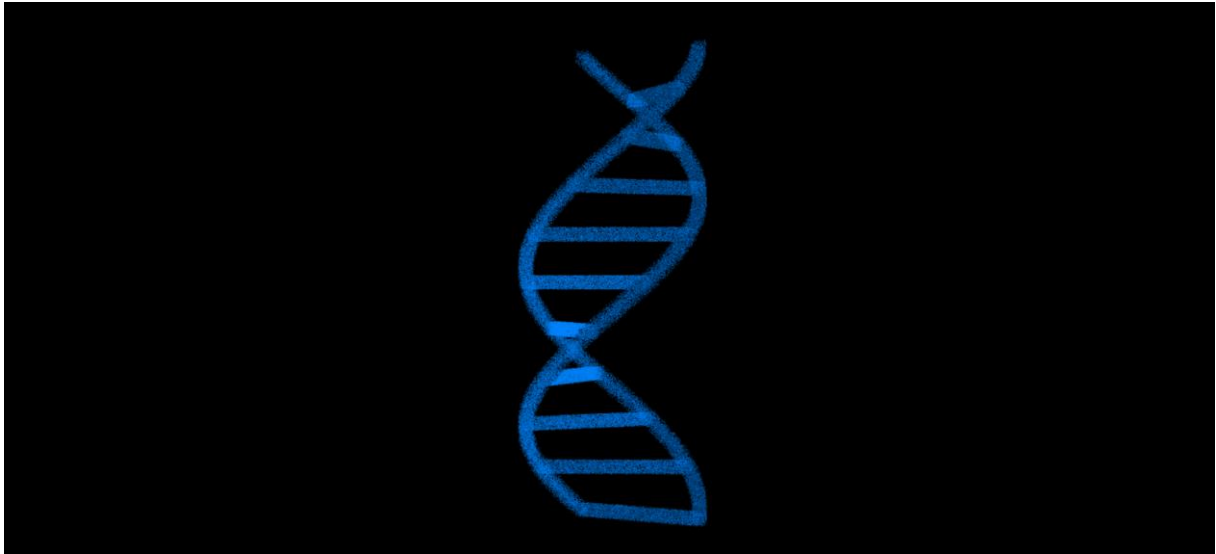


Textul paginii a fost scris cu ajutorul elementelor html, precum paragrafe, dar si elementelor css pentru subtitle.

```
body>
<div id="main">
  <div id="headline">
    <p id="title">BIOINFORMATICA</p>
  </div>
  <div id="body-text">
    <p id="intro-text">Bioinformatica este un domeniu al științei în care biologia, știința despre calculatoare și tehnologia inf
    <p id="intro-text">- dezvoltarea unor noi algoritmi și statistici cu ajutorul cărora să poată fi extrase, dintr-un număr mar
    <p id="intro-text">- analiza și interpretarea diferitelor tipuri de date referitoare la secvențele de nucleotide și aminoaci
    <p id="intro-text">- dezvoltarea și implementarea unor unelte care să permită accesul eficient și manipularea diferitelor ti
    <p id="subtitle">De ce este necesară bioinformatica? </p>
    <p id="intro-text">Rațiunile utilizării metodelor informatice în rezolvarea problemelor din biologie cuprind:</p>
    <p id="intro-text">- o creștere explozivă a informațiilor biologice care impun utilizarea calculatoarelor la catalogarea și
    <p id="intro-text">- o perspectivă mai largă atunci când sunt proiectate experimentele. Pe măsură ce trecem de la paradigma
    <p id="subtitle">Despre ce este vorba? </p>
    <p id="intro-text">Bioinformatica, ca fundament al "Diagnosticului genetic", spre exemplu, are din ce în ce mai multă influe
    <div id="image-holder">
      
    </div>
    <p id="intro-text">Bioinformatica asigură baza teoretică și uneltele practice oamenilor de știință pentru explorarea protein
    <p id="intro-text">Structura 3D (tridimensională) depinde de ordinea acestor radicali. Ordinea aminoacizilor unei anumite pro
```

```
#subtitle {
  text-align: center;
  font-size: 175%;
  padding-bottom: 15px;
  margin-top: -10px;
}
```

Butonul “Descopera” redirectioneaza utilizatorul spre modelul 3D al AND-ului, model realizat cu ajutorul elementelor de javascript.



Idee ace sta la baza realizarii modelului este construirea desenului pe baza a 4 puncte constante alese: cele doua de sus stanga si dreapta si cele doua de jos, stanga si dreapta, a radianilor, a unor puncta alese la intamplare, a calculelor matematice, dar si adaugarea punctelor in molecula de AND. Totodata, aceasta molecula poate fi rotita, micsorata si marita cu ajutorul mouse-ului.

Miscarea infinita a moleculuei a fost realizata cu ajutorul functiei:

```
const loop = ()=>{  
  particles.rotation.y += 0.01  
  requestAnimationFrame(loop)  
  renderer.render(scene, camera);  
}  
  
loop()
```

Adaugarea punctelor si a legaturilor dintre catene au fost realizate de functiile:



```

const addParticles = particleArray => {
  const geometry = new THREE.Geometry();
  particleArray.forEach(particle => {geometry.vertices.push(particle)});
  const material = new THREE.PointsMaterial({
    size: 2,
    opacity: 0.4,
    alphaTest: 0.4,
    transparent: true
  });
  material.color.setHSL(0.58, 1, 0.5);
  particles = new THREE.Points(geometry, material);
  scene.add(particles);
};

```

```

const addConnection = ({ pa, pb }) => {
  const connectionDensity = 100
  const connectionPoints = range(connectionDensity).reduce(
    (acc, i) => [
      ...acc,
      ...getPoints({
        x: lerpMap(i, 0, connectionDensity, pa.x, pb.x),
        y: pa.y,
        z: lerpMap(i, 0, connectionDensity, pa.z, pb.z)
      })
    ],
    []
  );
  allPoints = allPoints.concat(connectionPoints)
};

```

**Bibliografie:**

<https://www.w3schools.com/>

[https://developer.mozilla.org/en-US/docs/Learn/Getting started with the web/JavaScript basics](https://developer.mozilla.org/en-US/docs/Learn/Getting_started_with_the_web/JavaScript_basics)

<https://stackoverflow.com/questions/23534164/add-points-using-javascript-jquery>

<https://developers.arcgis.com/javascript/latest/add-a-point-line-and-polygon/>

<https://www.tutorialspoint.com/mysql/mysql-introduction.htm>

<https://www.w3.org/Style/CSS/Overview.en.html>