

Bioinformatika záróvizsga tételsor

Haladó genetika

1. A génműködés szabályozása és annak megváltozása eukariótákban

Kromatin szintű génszabályozás. Az epigenetika és a génszabályozás kapcsolata. A rák genetikai és epigenetikai okai. Az egyedfejlődés genetikai szabályozása Drosophilában.

2. A mennyiségi jellegek és a populációk genetikája

A mennyiségi jellegek genetikai és környezeti meghatározottsága. A mennyiségi jellegek statisztikai jellemzése, az örökletesség meghatározása. A Hardy-Weinberg szabály levezetése, jelentősége, alkalmazása a populációgenetikai vizsgálatokban. A Hardy-Weinberg egyensúlyt befolyásoló tényezők.

Szintetikus biológia, omika:

1. Az omika tudományok tárgyköre.

A transzkriptom; a nem kódoló RNS fajták, szerepük és azonosításuk. Az interaktom; biológiai rendszerek komponenseinek kölcsönhatásai, azok megjelenítési formái. A „betegséggén” hálózatok feltérképezése, jelentőségük.

2. A szintetikus biológia tárgyköre.

Genom redukció, genomépítés. Alternatív genom létrehozásának lehetőségei. Xenobiológia. Biztonsági és etikai kérdések.

Omika:

1. Főbb omikai technikák módszerei és felhasználásai

Jellemezze a transzkriptomikát, genomikát, metabolomikát és a metagenomikát a következő szempontok alapján:

- Mi a vizsgálat tárgya?
- Milyen kísérletes és bioinformatikai módszerekkel vizsgálható?
- Milyen biológiai kérdések megválaszolására alkalmas?

2. Újgenerációs RNS-szekvenálási adatok elemzése

- Milyen lépései vannak az újgenerációs szekvenátorral előállított RNS szekvencia adatok bioinformatikai elemzésének?
- Miben tér el a genom szekvencia adatok kiértékelésétől?
- Milyen előnyei és hátrányai vannak a hagyományos technikákkal (qPCR, microarray) összehasonlítva?
- Milyen biológiai kérdések megválaszolására alkalmas? Általános példákon keresztül mutassa be az adatkiértékelés és vizualizáció folyamatát!

Bioinformatika:

1. Szekvencia illesztések.

- Mi a célja a szekvenciák illesztésének, összehasonlításának?
- Milyen módszerek léteznek, ezek miben különböznek és hasonlítanak, mikor melyiket használjuk

2. Szekvenálási technikák.

- Hagyományos és új generációs technikák összehasonlítása. egyes technikák jellemzői, felhasználása.

Molekulamodellezés:

1. A molekulamodellezés klasszikus mechanikai módszerei és azok alkalmazásai

2. Biomolekulák térszerkezet-predikciójának elmélete és módszerei Evolúcióbiológia

1. A molekuláris evolúció neutrális elmélete, szelekció DNS szekvenciák szintjén.
2. Fenotípus evolúció.

Molekuláris evolúciógenetika

1. Populációk genetikai változatossága, a neutrális modell (koaleszcens elmélet).
2. Populációk szerkezete, neutrális modell.

Biostatisztika

1. Diagnosztikus tesztek mérőszámai (definíció, kapcsolat a feltételes valószínűséggel, gyakorlati alkalmazások) és az egyezés mérése kappá-statisztikával.
2. Függelenség vizsgálatok Khi-négyzet próbával. (Valószínűségi függetlenség elve; megfigyelt és várt gyakoriságok; null- és alternatív hipotézis; a próba alkalmazhatóságának feltétele; Khi-négyzet próba négymezős kontingencia táblázatok esetén; szabadságfok meghatározás; döntés kritikus érték és p-érték alapján)

Szerkezeti biológia:

1. A fehérjék szerkezeti és funkcionális sajátosságai, kölcsönhatásai, térbeli szerkezetük kialakulása
2. Nukleinsavak szerkezeti sajátosságai, intra- és intermolekuláris kölcsönhatásai

Filogenetika:

Mutassa be a filogenetikai analízis egyes lépéseit a szekvencia igazítástól a filogenetikai törzsfáig.

Röviden jellemezze és hasonlítsa össze az UPGMA, N-J, Parszimónia, Bayes-féle és ML rekonstrukciós módszereket

Mikrobiológia :

1. Környezeti faktorok hatása a mikrobákra. A mikroorganizmusok szerepe az elemek körforgásában.
2. A mikrobiális anyagcsere sajátosságai: aerob, anaerob légzés, fermentáció, kemolitotrófia, fototróf energianyerő folyamatok, metabolikus energiakonzerválás.

Molekuláris Biológia:

1. Adjon áttekintést rekombináns DNS molekulák in vitro előállításának módszereiről és ilyen

molekulákat tartalmazó sejtek azonosításának lehetőségeiről!

(Rekombináns DNS technikában használt enzimek és vektorok, szelekciós stratégiák, nukleinsav hibridizációs módszerek, PCR)

1. Ismertesse a fehérjék tisztításában és vizsgálatában alkalmazott legfontosabb módszereket, valamint a fehérje-fehérje és fehérje-DNS kölcsönhatás kimutatásának lehetőségeit!

(kromatográfiás módszerek, fehérje poliakrilamid elektroforézis, western blot, ...)

From:

<https://www2.bio.u-szeged.hu/> - BI

Permanent link:

<https://www2.bio.u-szeged.hu/doku.php/hu:bint:oktatas:hallgatoknak:2019bioinfo>

Last update: **2022/08/12 09:02**

