

Bioinformatika záróvizsga tételsor (2021)

1. Populációk genetikai változatossága, a neutrális modell (koaleszcens elmélet).
2. Populációk szerkezete, génáramlás neutrális modelljei.
3. A molekuláris evolúció neutrális elmélete, szelekció DNS szekvenciák szintjén.
4. Mennyiségi jellegek, fenotípus evolúció.
5. Szekvencia illesztések.

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

6. Szekvenálási technikák bioinformatikai vonatkozásai.

Hagyományos és új generációs DNS szekvenálás összehasonlítása. Egyes technikák jellemzői, felhasználásuk, deBruijn gráfok, Lander-Waterman modell

7. Főbb omikai technikák módszerei és felhasználásai

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

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

8. Újgenerációs RNS-szekvenálási adatok elemzése

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

9. A molekulamodellezés klasszikus mechanikai módszerei és azok alkalmazásai

A molekulaszerkezet klasszikus mechanikai reprezentációja, molekulamechanikai erőterek, molekuladinamika, biomolekuláris kölcsönhatások számítógépes elemzése

10. Biomolekulák térszerkezet-predikciójának elmélete és módszerei

A térszerkezet-predikció elvi alapja és eljárása, homológia modellezés, threading, de novo fehérjemodellezés, nukleinsavak térszerkezetének szekvencia-alapú becslés

11. A fehérjék, nukleinsavak és komplex makromolekulák szerkezeti és funkcionális sajátosságai, intra- és intermolekuláris kölcsönhatásai, térbeli szerkezetük kialakulása

a fehérjék, nukleinsavak és komplex makromolekulák szerkezetének általános tulajdonságai, leírása és jellemzése, stabilizáló kölcsönhatásai, kialakulásának körülményei, termodinamikája, intermolekuláris kölcsönhatásai, élettani vonatkozásai, a biológiai funkcióért felelős szerkezeti sajátosságai

12. Atomi felbontású szerkezetvizsgáló módszerek és azok alkalmazása a biológiában

röntgenkrisztallográfia, mágneses magrezonancia spektroszkópia, krio-elektronmikroszkópia, elméleti módszerek

13. 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)

14. 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, ...)

15. Mutassa be a filogenetikai analízis egyes lépéseit a szekvencia illesztéstől a filogenetikai törzsfáig. A filogenetikai fák alapvető típusai.

16. A filogenetikai rekonstrukció főbb módszerei (UPGMA, N-J, Maximális parszimónia, Bayes-féle és ML).

17. Környezeti faktorok hatása a mikrobákra. A mikroorganizmusok szerepe az elemek körforgásában.

18. A mikrobiális anyagcsere sajátosságai: aerob, anaerob légzés, fermentáció, kemolitotrófia, fototróf energianyerő folyamatok, metabolikus energiakonzerválás.

From:

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

Permanent link:

<https://www2.bio.u-szeged.hu/doku.php/hu:bint:oktatas:hallgatoknak:2021bioinfo>

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

