

A tantárgy neve:		magyarul:	Genetikai bioinformatika					Kódja:	TTBMG0105	
		angolul:	Genetic bioinformatics							
1. félév										
Felelős oktatási egység:			DE TTK Genetikai és Alkalmazott Mikrobiológiai Tanszék							
Kötelező előtanulmány neve:			-				Kódja:	-		
Típus		Heti óraszámok						Követelmény	Kredit	Oktatás nyelve
		Előadás		Gyakorlat		Labor				
Nappali	+	Heti	0	Heti	2	Heti	0	G	2	magyar
Levelező										
Tantárgyfelelős oktató			neve:		Dr Sipiczki Mátyás			beosztása:	ny.egyetemi tanár	
A kurzus célja az, hogy a hallgatók olyan szakmai ismereteket sajátítsanak el és gyakoroljanak be, melyek megalapozzák a molekuláris területén alkalmazott bioinformatikai módszerek használatát. A hallgatók a molekuláris genetikai és genomikai kísérleti eredmények bioinformatikai feldolgozásainak lehetőségeivel, a klaszteranalízis, az evolúciós és filogenetikai elemzések elméleti háttérével valamint módszertani alapjaival ismerkednek meg.										
Tanulás eredmények, kompetenciák: a hallgató										
<i>Tudás:</i> A hallgató általános ismeretekre és gyakorlatra tesz szert a molekuláris genetikai és genomikai kísérleti eredmények bioinformatikai feldolgozásainak lehetőségeivel kapcsolatban. Megismerkedik ezen kívül a klaszteranalízis, az evolúciós és filogenetikai elemzések elméleti háttérével és legáltalánosabban használt módszereivel is. A tantárgy révén a hallgató megismeri a szekvenciaelemzések legújabb módszertani eredményeit, fejlődési irányait is.										
<i>Képesség:</i> Legyen tisztában a DNS, RNS és fehérjék szekvenciáiban rejlő információ biológiai jelentőségével. Tudja elhelyezni bioinformatikai jártasságát a molekuláris biológiai és biotechnológia kutatások módszertani arsenáljában.. Értse a genomikai vizsgálatok és a szekvenciaelemzések jelentőségét. Legyen képes a DNS- RNS- és fehérjeszekvenciák valamint genomszekvenciák elemzéséből származó adatokat és ismereteket felhasználni a biológus mesterképzési szak biológiai, biotechnológiai és speciális szakmai ismereteinek az elsajátításakor. Tudja alkalmazni a gyakorlatban a megismert algoritmusokat.										
<i>Attitűd:</i> A tantárgy elősegíti, hogy a hallgató az elsajátított bioinformatikai tudás, továbbá korszerű molekuláris biológiai szemlélet birtokában a későbbi tanulmányai során és a végzés után az új szakmai információkat, kutatási eredményeket megfelelően értelmezni és értékelni tudja, továbbá a természettudományos tudását folyamatosan gyarapítsa. A hallgató ennek köszönhetően szilárd bioinformatikai módszertani alapokra tesz szert, amelyek hozzásegíti ahhoz, hogy a szakmai feladatait pontosan, hatékonyan végezze.										
<i>Autonómia és felelősség:</i> A kurzus hozzásegíti a hallgatót ahhoz, hogy munkájában innovatív és hatékony legyen, továbbá szakmai és nem szakmai körökben a biotechnológiai és természettudományos kérdésekben megalapozottan és felelősséggel formáljon véleményt.										
A kurzus tartalma, témakörei Genomszekvenálási módszerek. Algoritmusok a szekvenciák összerakására. Strukturális annotálás. Funkcionális annotálás. Klaszterelemzések. Dendogramok készítése. Dendogramok statisztikiai értékelése. Fenetikus és kladisztikus elemzések. Disztancia-alapú és karakteralapú módszerek. UPGMA, WPGMA, Neighbour Joining, Maximum Parsimony, Maximum Likelihood, Bayes-féle analízis.										
Tervezett tanulási tevékenységek, tanítási módszerek Szemináriumi foglalkozás, igény szerint konzultáció										
Értékelés Témacsoportonként dolgoztatás. Az aláírás feltétele az elégséges osztályzat és a jelenlét a szemináriumokon.										

Kötelező olvasmány:

Magyar nyelvű szakirodalom hiányában nincs kötelező olvasmány

Ajánlott szakirodalom:

Barnes M.R., Gray, I.C.: Bioinformatics for Geneticists. John Wiley and Sons Ltd. Chichester, U.K. 2012