

A tantárgy neve:		magyarul:	<b>Genetikai bioinformatika</b>					Kódja:	<b>TTBML0105</b>	
		angolul:	<b>Genetic bioinformatics</b>							
<b>1. félév</b>										
Felelős oktatási egység:			<b>DE TTK Genetikai és Alkalmazott Mikrobiológiai Tanszék</b>							
Kötelező előtanulmány neve:			-					Kódja:	-	
Típus		Heti óraszámok						Követelmény	Kredit	Oktatás nyelve
		Előadás		Gyakorlat		Labor				
Nappali	+	Heti	0	Heti	0	Heti	1	G	1	magyar
Levelező										
Tantárgyfelelős oktató			neve:		ifj. Dr. Batta Gyula Gábor			beosztása:	egyetemi adjunktus	
<p><b>A kurzus célja az,</b> 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.</p>										
<p><b>Tanulás eredmények, kompetenciák:</b> a hallgató</p> <p><i>Tudás:</i></p> <p>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 szekvenálási elemzések legújabb módszertani eredményeit, fejlődési irányait is.</p> <p><i>Képesség:</i></p> <p>Legyen tisztában a DNS, RNS és fehérjék szekvenciáiban rejlő információ biológiai jelentőségével.</p> <p>Tudja elhelyezni bioinformatikai jártasságát a molekuláris biológiai és biotechnológiai kutatások módszertani arzenáljában.</p> <p>Értse a genomikai vizsgálatok és a szekvenálási elemzések jelentőségét.</p> <p>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.</p> <p>Tudja alkalmazni a gyakorlatban a megismert algoritmusokat.</p> <p><i>Attitűd:</i></p> <p>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.</p> <p><i>Autonómia és felelősség:</i></p> <p>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.</p>										
<p><b>A kurzus tartalma, témakörei</b></p> <p>Genomszekvenálási módszerek. Algoritmusok a szekvenciák összerakására. Strukturális annotálás. Funkcionális annotálás. Klaszterelemzések. Dendogramok készítése. Dendogramok statisztikai értékelése. Fenetikus és kladisztikus elemzések. Disztancia-alapú és karakteralapú módszerek. UPGMA, WPGMA, Neighbour Joining, Maximum Parsimony, Maximum Likelihood, Bayes-féle analízis.</p>										
<p><b>Tervezett tanulási tevékenységek, tanítási módszerek</b></p> <p>Szemináriumi foglalkozás, igény szerint konzultáció</p>										
<p><b>Értékelés</b></p> <p>Témacsoportonként dolgoztatás. Az aláírás feltétele az elégséges osztályzat és a jelenlét a gyakorlaton.</p>										

**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