



## MEZŐGAZDASÁGI BIOTECHNOLÓGUS MSc KÉPZÉS

**Tantárgy: BIOINFORMATIKA****Neptun kódja: SMKNV4013BL****Oktató intézet:** Növényvédelmi Intézet, Mikrobiológia és Környezettoxicológiai Csoport**Tantárgyfelelős:** Lakiné Dr. Sasvári Zita egyetemi adjunktus**További oktatók:****Szemeszter: 3****Kredit: 3****Heti óraszám: 10 óra előadás + 5 óra gyakorlat****Tantárgyi tematika**

Előadás	Laboratóriumi gyakorlat
<p>1. Bevezetés. A bioinformatika története. A bioinformatika tárgya, alkalmazási területei ma. Matematikai alapok. Genom projektek. A molekuláris biológiában leggyakrabban használt bioinformatikai módszerek, programok, programcsomagok rövid áttekintése. Bioinformatikai adatbázisok. Molekuláris biológiai adatbázisok. Elsődleges szekvencia-adatbázisok. Nukleotidszekvencia adatbázisok: EMBL, GenBank, DDBJ. Fehérjeszekvencia adatbázisok: PIR, SWISS-PROT, TrEMBL. Összetett („nem redundáns”) fehérjeszekvencia adatbázisok. Szekvencia-adatbázis formátumok. Másodlagos vagy származtatott adatbázisok. Bibliográfiai adatbázis: PubMed.</p>	<p>1. Hasonlósági keresések szekvencia-adatbázisokban.</p> <p>A FASTA és BLAST programok használata, paraméterezése.</p>
<p>2. A biológiai szekvenciaelemzés alapjai Szekvenálási adatok kezelése, ellenőrzése. Kontigok összeállítása. Restrikciós endonukleáz hasítóhelyek keresése. Primertervezés. Új szekvencia elhelyezése az elsődleges adatbázisban.</p>	<p>2. Primer tervező programok és használatuk.</p>
<p>3. Szekvencia-összehasonlítások Páronkénti összehasonlítások: „dot-plot”. Pontozási módszerek, helyettesítési mátrixok. PAM, BLOSUM mátrixok. Páronkénti szekvenciaillesztések: optimális illesztések. Globális és lokális illesztés; dinamikus programozási algoritmusok: Needleman–Wunsch és Smith–Waterman algoritmusok. Hézagok pontozása.</p>	<p>3. ORF kereső programok használata.</p>
<p>4. Hasonlósági keresések szekvencia-adatbázisokban Keresés optimális illesztési algoritmusokkal: webes implementációk. Heurisztikus keresési módszerek: FASTA és BLAST algoritmusok. Statisztikai alapok: a találatok szignifikanciájának becslése. A FASTA3 programcsomag programjai. A BLAST programok. Mikor melyik programot használjuk? A jel/zaj arány javítása. A fals pozitív találatok okai és kiszűrésük: kis összetételi komplexitású régiók, repetitív szekvenciák, vektorszennyezés.</p>	<p>4. ClustalW program, többszörös összehasonlítások.</p>



## MEZŐGAZDASÁGI BIOTECHNOLÓGUS MSc KÉPZÉS

5. Többszörös szekvenciaillesztés Módszerek. A progresszív illesztés módszere a ClustalW program példáján. Szegmens-alapú illesztés: dialign2. Motívum-alapú illesztés: MEME. Többszörös illesztések vizualizálása. Nukleinsav-szekvenciák alapján végzett predikciók Funkcionális helyek, régiók detektálása a DNS-ben. Kódoló régiók, exon–intron határok predikciója. RNS másodlagos szerkezet predikciója.	5. Többszörös összeillesztések Bioinformatika a gyakorlatban.
6. Szekvenáláshoz kapcsolódó számítógépes feladatok Számítógépes primertervezés bemutatása. Restrikciós hely meghatározó programok bemutatása. Automata szekvenátor adatainak feldolgozása. Szennyező szekvenciák eltávolítása. Szekvenciák összerakása.	
7. Szekvencia-összehasonlítások, szekvenciaillesztések Dot-plot módszerek. Globális és lokális illesztések (DNS–DNS ill. fehérje–fehérje). Exon–intron határok megállapítása cDNS és genomi DNS illetve fehérje és genomi DNS illesztése révén.	
8. Bioinformatikai adatbázisok A három elsődleges adatbázis honlapjának a megismerése; mezőstruktúrák összehasonlítása. A fehérjeadatbázisok megismerése, összehasonlítása. A legjelentősebb doménkönyvtárak bemutatása. Példák komplex adatbázisokra.	
9. Információkeresés az adatbázisokban I. Az NCBI-Entrez rendszer bemutatása. Keresés a PubMed bibliográfiai adatbázisban. Linkek a PubMed adatbázisból más Entrez adatbázisokba. Keresés egyéb Entrez adatbázisokban.	
10. A számítógépes szekvenciaelemzés alapjai. Szekvenciakezelés, különböző szekvenciaformátumok. Számítógépes szekvenciaelemző programok, programcsomagok működésének bemutatása, indításuk, kezelésük. Szekvenciák kezelése az EMBOSS programcsomagban.	

**Kötelező irodalom:**

- Putnoki Péter: Bioinformatika (Számítógépes szekvenciaanalízis). JATEPress Kiadó, 2000.

**Számonkérés:**

Az elméleti órák látogatása nem kötelező, de a gyakorlatokon részt kell venni. Vizsgára az bocsátható, aki a gyakorlati órák végén legalább 60%-ot teljesít a gyakorlati tananyagból összeállított feladatokból. A kollokviumon előre megadott témakörökből véletlenszerűen kérdéseket húznak a hallgatók, ezeket írásban kidolgozzák, majd szóban is kifejtik mondandójukat. A vizsgáztató az egész tananyagból tehet fel kiegészítő kérdéseket.

**A tantárgy rövid leírása****BIOINFORMATIKA****SMKNV4013BL***Tantárgy oktatója: Lakiné Dr. Sasvári Zita*

A tárgy keretében a hallgatók a biológiai-biotechnológiai adatbázisok elméleti alapjaiba és gyakorlati alkalmazásaiba nyernek bepillantást az alábbi tematika szerint: DNS, fehérje adatbázisok, elsődleges és származtatott adatbázisok. Szekvencia formátumok, keresés az irodalomban és a szekvenciák leírásában, SRS szerverek. Keresés a szekvencia adatbázisokban, kereső algoritmusok. Szekvencia elemző programcsomagok, többszörös szekvencia illesztés, evolúciós analízis. Genom projektek, génkeresés.

Gödöllő, 2015. szeptember

Lakiné Dr. Sasvári Zita