

A TANTÁRGY ADATLAPJA

1. A képzési program adatai

1.1 Felsőoktatási intézmény	Babeş-Bolyai Tudományegyetem
1.2 Kar	Biológia és Geológia
1.3 Intézet	Magyar Biológia és Ökológia Intézet
1.4 Szakterület	Biológia
1.5 Képzési szint	Mesteri
1.6 Szak / Képesítés	Orvosi biológia

2. A tantárgy adatai

2.1 A tantárgy neve	Bioinformatika						
2.2 Az előadásért felelős tanár neve	dr. Kósa Ferenc						
2.3 A szemináriumért felelős tanár neve	dr. Kósa Ferenc						
2.4 Tanulmányi év	1	2.5 Félév	1	2.6. Értékelés módja	vizsga	2.7 Tantárgy típusa	kötelező

3. Teljes becsült idő (az oktatási tevékenység féléves óraszama)

3.1 Heti óraszám	4	melyből: 3.2 előadás	2	3.3 szeminárium/labor	2
3.4 Tantervben szereplő össz-óraszám	154	melyből: 3.5 előadás	56	3.6 szeminárium/labor	28
A tanulmányi idő elosztása:					óra
A tankönyv, a jegyzet, a szakirodalom vagy saját jegyzetek tanulmányozása					42
Könyvtárban, elektronikus adatbázisokban vagy terepen való további tájékozódás					30
Szemináriumok / laborok, házi feladatok, portofóliók, referátumok, esszék kidolgozása					20
Egyéni készségfejlesztés (tutorálás)					0
Vizsgák					6
Más tevékenységek:					0
3.7 Egyéni munka össz-óraszama	98				
3.8 A félév össz-óraszama	154				
3.9 Kreditszám	6				

4. Előfeltételek (ha vannak)

4.1 Tantervi	• nincsenek
4.2 Kompetenciabeli	• nincsenek

5. Feltételek (ha vannak)

5.1 Az előadás lebonyolításának feltételei	<ul style="list-style-type: none"> nincsenek
5.2 A szeminárium / labor lebonyolításának feltételei	Minden gyakorlaton kötelező a jelenlét. Esetleges hiányzást a félévi oktatási időszak vége előtt, egyénileg lehet pótolni, a tanárral való előzetes egyeztetés alapján.

6. Elsajátítandó jellemző kompetenciák

Szakmai kompetenciák	<ul style="list-style-type: none"> A diákok azon képességeinek a kialakítása, hogy a makromolekulák szerkezetével és funkciójával kapcsolatos problémák megoldását a szekvenciák perspektívájából is meg tudják közelíteni és használni tudják a bioinformatikára jellemző specifikus terminológiát és elemző módszereket. Olyan gyakorlati tudás elnyerése amelynek révén használni tudják a különböző bioinformatikai adatbázisokat és a szekvenciák elemzését lehetővé tevő legfontosabb bioinformatikai szoftvereket.
Transzverzális kompetenciák	<ul style="list-style-type: none"> csoportmunkában való részvétel készsége a molekuláris biológia területén. a molekuláris biológia területén használatos modern digitális vizsgáló és elemző módszerek elsajátítása Digitális kompetenciák: elsődleges adatok kinyerése, feldolgozása, adatok modellezése és értékelése <p>Egyéni eredmények integrálásának készsége a szaktudomány tágabb ismeretkörébe</p>

7. A tantárgy célkitűzései (az elsajátítandó jellemző kompetenciák alapján)

7.1 A tantárgy általános célkitűzése	A biológiai szekvenciák (nukleotid és aminosav) tárolásával, hozzáférhetőségével, elemzésével kapcsolatos alapismeretek elsajátítása.
7.2 A tantárgy sajátos célkitűzései	<ul style="list-style-type: none"> A biológiai szekvenciákat tartalmazó adatbázisok megismerése és használatához szükséges gyakorlati ismeretek elsajátítása Az szekvenciaillesztések, az illesztések szerkeztésével, az ezeknek a filogenetikai törzsfák generálásához szükséges gyakorlati ismeretek elsajátítása A fehérjék, nukleinsavak és makromolekuláris komplexumok vizualizációját lehetővé tevő gyakorlati ismeretek elsajátítása

8. A tantárgy tartalma

8.1 Előadás	Didaktikai módszerek	Megjegyzések
1. Bevezetés A bioinformatika története. A bioinformatika tárgya, alkalmazási területei ma. Genom projektek. Trendek. A molekuláris biológiában leggyakrabban használt	Frontális ismeretközlés, problematizálás, párbeszéd, multimédiás vetítés	

bioinformatikai módszerek, programok, programcsomagok rövid áttekintése.		
2. Bioinformatikai adatbázisok Molekuláris biológiai adatbázisok. Elsődleges szekvencia-adatbázisok. Nukleotidszekvencia adatbázisok; Fehérjeszekvencia adatbázisok.. Másodlagos vagy származtatott adatbázisok. Komplex adatbázisok.	Frontális ismeretközlés, problematizálás, párbeszéd, multimédiás vetítés	
3. Keresés az adatbázisokban: SRS, NCBI–Entrez, Protein Identification Resource (PIR), ExPASy.	Frontális ismeretközlés, problematizálás, párbeszéd, multimédiás vetítés	
4. Bevezetés a biológiai szekvenciák elemzésébe. A szekvenciák elemzéséhez használt adatok kezelése és ellenőrzése.	Frontális ismeretközlés, problematizálás, párbeszéd, multimédiás vetítés	
5. Szekvenciák illesztése. Páronkénti szekvenciaillesztés. Globális és lokális illesztés. Páronkénti összehasonlítások: „dot-plot”. A szekvenciák hasonlóságának a mérése.	Frontális ismeretközlés, problematizálás, párbeszéd, multimédiás vetítés	
6. Hasonlósági keresések szekvencia-adatbázisokban. Keresési módszerek: FASTA és BLAST algoritmusok	Frontális ismeretközlés, problematizálás, párbeszéd, multimédiás vetítés	
7. Többszörös szekvenciaillesztés. Többszörös szekvenciaillesztési módszerek. A progresszív illesztés módszere a ClustalW program példáján. Szegmens-alapú illesztés: dialign2. Motívum-alapú illesztés: MEME. Többszörös illesztések vizualizálása. Illesztések ellenőrzése.	Frontális ismeretközlés, problematizálás, párbeszéd, multimédiás vetítés	
8. Molekuláris filogenetika I. Molekuláris evolúció és molekuláris filogenetika. Filogenetikai törzsfák.	Frontális ismeretközlés, problematizálás, párbeszéd, multimédiás vetítés	
9. Molekuláris filogenetika II. A filogenetikai törzsfák generálásához használt módszerek és szoftverek.	Frontális ismeretközlés, problematizálás, párbeszéd, multimédiás vetítés	
10. Nukleinsav-szekvenciák alapján végzett predikciók Szabályozó és promoter régiók predikciója. Funkcionális helyek, régiók detektálása a DNS-ben. Kódoló régiók, exon–intron határok predikciója.	Frontális ismeretközlés, problematizálás, párbeszéd, multimédiás vetítés	
11. Strukturális bioinformatika I. Fehérjék szerkezete. Fehérjék térszerkezetének a meghatározása. A fehérjék térszerkezetének a vizualizációja. A fehérje térszerkezetek összehasonlítása és osztályozása. A fehérjék szerkezeti evolúciója.	Frontális ismeretközlés, problematizálás, párbeszéd, multimédiás vetítés	
12. Strukturális bioinformatika I. A fehérjék másodlagos és harmadlagos szerkezeteinek predikciója. A fehérjék szerepeinek a predikciója. Az RNS szerkezetének a predikciója.	Frontális ismeretközlés, problematizálás, párbeszéd, multimédiás vetítés	
13. Proteomika I. A fehérje expresszió elemzésének módszerei. DNS	Frontális ismeretközlés, problematizálás, párbeszéd,	

microarray.	multimédiás vetítés	
14. Proteomika II. Sejthálózatok. Az önszabályozó hálózatok jellemzői. Sejten belüli fehérjehálózatok.	Frontális ismeretközlés, problematizálás, párbeszéd, multimédiás vetítés	
<p>Könyvészet András Budinszky, Péter Gál, Sándor Pongor: Introduction to Bioinformatics, Pázmány Péter Katolikus Egyetem, Semmelweis Egyetem és a Dialóg Campus Kiadó-Nordex Kft. által alkotott konzorcium, 2011 https://www.tankonyvtar.hu/hu/tartalom/tamop425/0006_Bevezetes_a_bioinformatikaba/adatok.html</p> <p>Antal Péter, Hullám Gábor, Millinghoffer András, Hajós Gergely, Marx Péter, Arany Ádám, Bolgár Bence, Gézsi András, Poppe László, Sárközy Péter: Bioinformatika: molekuláris mérés technikától az orvosi döntéstámogatásig, BME, 2014 https://www.tankonyvtar.hu/hu/tartalom/tamop412A/2011_0079_antal_bioinformatika/adatok.html</p> <p>Lesk, A.M. (2005): Introduction to Bioinformatics. 2nd Edition, Oxford University Press.</p> <p>Szalai Csaba, Antal Péter, Falus András, Oberfrank Ferenc: Orvosi genomika és bioinformatika, Semmelweis Egyetem, 2012 https://www.tankonyvtar.hu/hu/tartalom/tamop412A/2010-0008_orvosi_genomika/orvosi_genomika_vegleges_v2_1_1.html</p> <p>Szilágyi, A.: Bevezetés a bioinformatikába. http://www.enzim.hu/~szia/bioinformatika Xiong, J. (2006): Essential Bioinformatics. Cambridge University Press</p>		
8.2 Szeminárium / Labor	Didaktikai módszerek	Megjegyzések
1. A gyakorlatok rövid bemutatása és a félév során végzendő laborgyakorlatok elvégzésével kapcsolatos szervezési problémák megbeszélése. Bibliográfia ismertetése.		
2. A legfontosabb biológiai adatbázisok bemutatása	Frontális ismeretközlés, párbeszéd, problematizálás, elemzés	
3. Az információk keresése és kinyerése a biológiai adatbázisokból: NCBI-Entrez bemutatása, szakirodalom keresése a PubMed-ben.	Frontális ismeretközlés, párbeszéd, problematizálás, elemzés	
4. Az SRS (Sequence Retrieval System) bemutatása. Egyszerű keresések az SRS-ben. Komplex keresések az SRS-ben. Szekvenciák kinyerése az SRS-ből.	Frontális ismeretközlés, párbeszéd, problematizálás, elemzés	
5. A szekvenciaelemzések alapjai. A szekvenciák kezelése, a tárolt szekvenciák formátumai. Szekvenciaelemző szoftverek és használati módjuk.	Frontális ismeretközlés, párbeszéd, problematizálás, elemzés	
6. A genomi adatbázisok használata.	Frontális	

Genomszekvenciák a web-enb. Az Ensemble rendszer bemutatása. Keresések a genomokban. Genomi régiók, szekvenciák összehasonlítása.	ismeretközlés, párbeszéd, problematizálás, elemzés	
7. A szekvenciák összehasonlítása. Dot-plot módszerek.	Frontális ismeretközlés, párbeszéd, problematizálás, elemzés	
8. Hasonlósági keresések a szekvenciákat tartalmazó adatbázisokban. A FASTA3 és BLAST programok használata.	Frontális ismeretközlés, párbeszéd, problematizálás, elemzés	
9. Szekvenciák többszörös illesztése. A doménszerkezet felismerése és meghatározása a fehérjék szerkezetében.	Frontális ismeretközlés, párbeszéd, problematizálás, elemzés	
10. Filogenetikai elemzések. A MEGA7 és Unipro Ugene programok bemutatása.	Frontális ismeretközlés, párbeszéd, problematizálás, elemzés	
11. A fehérjék szerkezete. A PDB adatbázis bemutatása. Szerkezetek keresése. A térszerkezetek vizualizációja: Rasmol, Rastop, Kinemage, SwissPEBViewer szoftverek használata.	Frontális ismeretközlés, párbeszéd, problematizálás, elemzés	
12. Fehérjeszerkezetek predikciója: PredictProtein (PHD) használata a másodlagos szerkezet meghatározásához, SBASE használata a domének predikciójához, DAS szoftver használata a transzmembrán régiók kimutatására. A Deep View szoftver használata.	Frontális ismeretközlés, párbeszéd, problematizálás, elemzés	
13. A sejtálózatok és fehérjék közötti kölcsönhatások elemzése. A Cytoscape szoftver használata.	Frontális ismeretközlés, párbeszéd, problematizálás, elemzés	
14. Írásbeli dolgozatok bemutatása	Párbeszéd, a kapott eredmények elemzése	
Könyvészet MS Teams platformon, a Bioinformatika csoportban.		

9. Az epiztemikus közösségek képviselői, a szakmai egyesületek és a szakterület reprezentatív munkáltatói elvárásainak összhangba hozása a tantárgy tartalmával.

- A tantárgy a bioinformatikának a különböző területeken (egészségügy, evolúció, biotechnológia stb.) való alkalmazhatóságára fekteti a hangsúlyt és azon ismeretek és módszerek elveinek és metodológiájának az elsajátítására amelyek révén a nukleotid és aminosavszekvenciák számítógépesen feldolgozhatók és elemezhetők.

10. Értékelés

Tevékenység típusa	10.1 Értékelési kritériumok	10.2 Értékelési módszerek	10.3 Aránya a végső jegyben
10.4 Előadás	A szintetizáló képesség felmérése	Egy írásbeli referátum bemutatása	20%
	Az elméleti ismeretek elsajátításának mértéke	írásbeli vizsga	60%
10.5 Laboratóriumi gyakorlatok	A gyakorlati ismeretek elsajátításának mértéke	írásbeli vizsga	20%

10.6 A teljesítmény minimumkövetelményei

A lehetséges 100 pontból 45 pontot kell elérni. A félévközi írásbelik és a laborvizsga meg nem írása kizáró jellegű.

Pont	Jegy
45 - 55 p.	5
55 - 65 p.	6
65 - 75 p.	7
75 - 85 p.	8
85 - 95 p.	9
95 - 100 p.	10

Kitöltés dátuma

2022.01.10

Előadás felelőse

dr Kósa Ferenc adjunktus

Szeminárium felelőse

dr Kósa Ferenc adjunktus

Az intézeti jóváhagyás dátuma

2022.02.08.....

Intézetigazgató

dr. László Zoltán előadótanár