

A TANTÁRGY ADATLAPJA

BIOINFORMATIKA

Egyetemi tanév 2026-2027

1. A képzési program adatai

1.1. Felsőoktatási intézmény	Babeş–Bolyai Tudományegyetem, Kolozsvár
1.2. Kar	Orvos- és Egészségtudományi Kar
1.3. Intézet	Orvos- és Egészségtudományi Intézet
1.4. Szakterület	Biológia
1.5. Képzési szint	Magiszteri, 4 félév, nappali
1.6. Tanulmányi program/ Képesítés	Orvosi biológia (magyar nyelven)/Biológus (M.Sc.)
1.7. Képzési forma	Nappali

2. A tantárgy adatai

2.1. A tantárgy neve	Bioinformatika	A tantárgy kódja	BMM5303		
2.2. Az előadásért felelős tanár neve	dr. Kósa Ferencz				
2.3. A szemináriumért felelős tanár neve	dr. Kósa Ferencz				
2.4. Tanulmányi év	I	2.5. Félév	1	2.6. Értékelés módja	Vizsga
2.7. Tantárgy rendszere	Kötelező		2.8. Tantárgy típusa	Kiegészítő	

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

3.1. Heti óraszám	4	melyből: 3.2. előadás	2	3.3. szeminárium/labor/projekt	2
3.4. Tantervben szereplő összórászám	154	melyből: 3.5. előadás	56	3.6. szeminárium/labor	28
Az egyéni tanulmányi idő (ET) és az önképzési tevékenységekre (ÖT) szánt idő elosztása:					óra
A tankönyv, a jegyzet, a szakirodalom vagy saját jegyzetek tanulmányozása (ET)					42
Könyvtárban, elektronikus adatbázisokban vagy terepen való további tájékozódás					30
Szemináriumok/ laborok, házi feladatok, portfóliók, referátumok, esszék kidolgozása (nagyobb vagy egyenlő a tantárgy naptárában az ellenőrzési feladatokra előírt összórászámmal)					20
Egyéni készségfejlesztés (tutorálás)					0
Vizsgák					6
Más tevékenységek:					
3.7. Egyéni tanulmányi idő (ET) és önképzési tevékenységekre (ÖT) szánt idő összórászámja				98	
3.8. A félév összórászámja				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	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.

6.1. A tanulmányi program elvégzése során elsajátított kompetenciák (a tantervből kell átvenni)

Szakmai kompetenciák	
Kompetencia kódja	Kompetencia
CP3	A tudományos adatok kritikus elemzésének képessége, valamint a modern módszerek és technológiák értékelése.
Transzverzális kompetenciák	
Kompetencia kódja	Kompetencia
CT1	A multidiszciplináris csapatban való együttműködés képessége a munkafolyamat és a szolgáltatások minőségének javítása érdekében.

6.2. A tanulmányi programra jellemző képzési eredmények (a tantervből kell átvenni)

A tantárgy által megcélzott tanulási eredmények		
Kompetencia kódja	Ismeret és megértés (Knowledge and understanding)	Specifikus tudományos készségek (Specific academic skills)
CP16	Ismeri a kutatásetika, a tudományos integritás és a felelős akadémiai kommunikáció alapelveit.	A hallgató képes legyen tudományos szövegeket készíteni és értékelni az etikai, szerkezeti és akadémiai érvelési normáknak megfelelően.

7. Tárgy-specifikus tanulási eredmények

Ismeret és megértés (Knowledge and understanding)
A kurzus sikeres teljesítése után a hallgató képes:
1. Ismertetni a bioinformatikai adatbázisok típusait és működését, beleértve a nukleotid- és fehérjeszekvencia-adatbázisokat, valamint az ezekben történő keresés alapelveit.
2. Megérteni a biológiai szekvenciák elemzésének alapelveit, különös tekintettel a páronkénti és többszörös szekvenciaillesztésekre, valamint a hasonlósági keresések algoritmikus hátterére (pl. BLAST, FASTA).
3. Leírni a molekuláris filogenetika és strukturális bioinformatika alapjait, beleértve a filogenetikai fák felépítését, valamint a fehérje- és nukleinsav-szerkezetek predikcióját és vizualizációját.
Specifikus tudományos készségek (Specific academic skills)
1. Bioinformatikai adatbázisok hatékony használatára és adatok kinyerésére, például NCBI, UniProt vagy más rendszerek alkalmazásával releváns biológiai információk lekérdezésére.
2. Szekvenciaelemzések és illesztések elvégzésére és értelmezésére, beleértve a BLAST-keresések, többszörös illesztések és motívumazonosítás eredményeinek kritikus értékelését.
3. Filogenetikai és strukturális bioinformatikai elemzések kivitelezésére, például törzsfák generálására, valamint fehérjeszerkezetek vizualizálására és alapvető predikciós eszközök alkalmazására.

8. A tantárgy tartalma

8.1 Előadás	Didaktikai módszerek	Megjegyzések
<p>1. Bevezetés A bioinformatika története. A bioinformatika tárgya, alkalmazási területei ma. Genom projektek. Trendek. A molekuláris biológiában leggyakrabban használt bioinformatikai módszerek, programok, programcsomagok rövid áttekintése.</p>	<p>Frontális ismeretközlés, problematizálás, párbeszéd, multimédiás vetítés</p>	
<p>2. Bioinformatikai adatbázisok Molekuláris biológiai adatbázisok. Elsődleges szekvencia-adatbázisok. Nukleotidszekvencia adatbázisok; Fehérjeszekvencia adatbázisok.. Másodlagos vagy származtatott adatbázisok. Komplex adatbázisok.</p>	<p>Frontális ismeretközlés, problematizálás, párbeszéd, multimédiás vetítés</p>	
<p>3. Keresés az adatbázisokban: SRS, NCBI –Entrez, Protein Identification Resource (PIR), ExPASy.</p>	<p>Frontális ismeretközlés, problematizálás, párbeszéd, multimédiás vetítés</p>	
<p>4. Bevezetés a biológiai szekvenciák elemzésébe. A szekvenciák elemzéséhez használt adatok kezelése és ellenőrzése.</p>	<p>Frontális ismeretközlés, problematizálás, párbeszéd, multimédiás vetítés</p>	
<p>5. Szekvenciák illesztése. Páronkénti szekvenciaillesztés. Globális és lokális illesztés. Páronkénti összehasonlítások: „dot-plot”. A szekvenciák hasonlóságának a mérése.</p>	<p>Frontális ismeretközlés, problematizálás, párbeszéd, multimédiás vetítés</p>	
<p>6. Hasonlósági keresések szekvencia-adatbázisokban. Keresési módszerek: FASTA és BLAST algoritmusok</p>	<p>Frontális ismeretközlés, problematizálás, párbeszéd, multimédiás vetítés</p>	
<p>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.</p>	<p>Frontális ismeretközlés, problematizálás, párbeszéd, multimédiás vetítés</p>	
<p>8. Molekuláris filogenetika I. Molekuláris evolúció és molekuláris filogenetika. Filogenetikai törzsfák.</p>	<p>Frontális ismeretközlés, problematizálás, párbeszéd, multimédiás vetítés</p>	
<p>9. Molekuláris filogenetika II. A filogenetikai törzsfák generálásához használt módszerek és szoftverek.</p>	<p>Frontális ismeretközlés, problematizálás, párbeszéd, multimédiás vetítés</p>	
<p>10. Nukleinsav-szekvenciák alapján végzett predikciók Szabályozó és promoter régiók predikciója. Funkcionális helyek, régiók detektálása a DNS-ben. Kódoló régiók, exon–intron határok predikciója.</p>	<p>Frontális ismeretközlés, problematizálás, párbeszéd, multimédiás vetítés</p>	
<p>11. Strukturális bioinformatika I. Fehérjék szerkezete. Fehérjék térszerkezetének a meghatározása. A fehérjék térszerkezetének a</p>	<p>Frontális ismeretközlés, problematizálás, párbeszéd, multimédiás vetítés</p>	






vizualizációja. A fehérje térszerkezetek összehasonlítása és osztályozása. A fehérjék szerkezeti evolúciója.		
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 microarray.	Frontális ismeretközlés, problematizálás, párbeszéd, multimédiás vetítés	
14. Proteomika II. Sejthálózatok. Az önszabályozó hálózatok jellemzői. Sejten belüli fehérjehálózatok.	Frontális ismeretközlés, problematizálás, párbeszéd, multimédiás vetítés	
<p>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. Genomszekvenciák a web-en. Az Ensemble rendszer bemutatása. Keresések a genomokban. Genomi régiók,	Frontális ismeretközlés, párbeszéd, problematizálás, elemzés	

szekvenciák összehasonlítása.		
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, SwissPEBVewer 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. Értékelés

Tevékenység típusa	9.1 Értékelési kritériumok	9.2 Értékelési módszerek	9.3 Aránya a végső jegyben
9.4 Előadás	A szintetizáló képesség felmérése	Egy írásbeli dolgozat értékelése	50%
	Az elméleti ismeretek elsajátításának mértéke	A dolgozat bemutatása, megvédése - szóbeli	25%
9.5 Szeminárium/ Labor	A gyakorlati ismeretek elsajátításának mértéke	5 írásbeli házi feladat értékelése	25%
9.6 A teljesítmény minimumkövetelményei			
A lehetséges 100 pontból 45 pontot kell elérni. A félévközi házi feladatok és a dolgozat 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			

10. SDG-ikonok (Fenntartható fejlődési célok/ Sustainable Development Goals)

		A fenntartható fejlődés általános ikonja						
								
								
								Nem alkalmazható
								X

Kitöltés időpontja:

Előadás felelőse:

Szeminárium felelőse:

2026.04.10

dr Kósa Ferencz adjunktus

dr Kósa Ferencz adjunktus

Az intézeti jóváhagyás dátuma: 2026.04.20

Intézetigazgató:
dr. Keresztes Lujza előadótanár