

## Bioinformatika tételsor 2017.

(A számozás a tételhez tartozó előadás sorszáma szerint történt.)

### 1: 2-7

- 2.a) Ismertesd a nagyobb bioinformatikai adatbázisokat.
- 2.b) Ismertesd az Uniprot adatbázis felépítését, a benne található adatok forrásait és minőségét.
- 3.a) Milyen következtetéseket vonhatunk le két szekvencia hasonlóságából, mik lehetnek a szekvencia illesztés céljai? Mit jelent a szekvenciák *lokális* és *globális* illesztése? Mit jelent a *hézagbüntetés*?
- 3.b) Hogyan készül a *dot-plot* ábra? Milyen információkat olvashatunk le róla? Milyen fontosabb aminosav helyettesítési mátrixok léteznek? Hol alkalmazzák ezeket?
- 4.) Mutasd be a BLAST hasonlósági kereső módszert!
- 5.a) Milyen típusú nukleotid szubsztitúciók lehetnek? Miért használunk nukleotid szubsztitúciós modelleket? Milyen modellek léteznek? Mutasd be a távolság alapú molekuláris filogenetikai módszert!
- 5.b) Mutasd be a maximális parszimónia molekuláris filogenetikai módszert!
- 5.c) Milyen lehet egy filogenetikai fa alakja, elágazásrendszere? Mit jelent a konszenzus fa és hogyan készülhet? Mutasd be a bootstrap analízist!
6. Mutasd be a maximum likelihood és a Bayes statisztikán alapuló filogenetikai módszereket.

### 2: 8-12

- 8.a) Jellemezd az újgenerációs szekvenálási eljárásokat. Mi a genom összeszerelés és a genom annotáció? Mutasd be az újgenerációs szekvenálással kapott adatok analízisét.
- 8.b) Mutasd be az expressziós microarray technikát és a kapott adatok kiértékelésének menetét!
- 8.c) Mutasd be az RNA-Seq technikát és a kapott adatok kiértékelésének menetét!
- 9.a) Mutasd be a gráf elmélet történetét és alapjait (csak az órán elhangzottakat), gráfok típusait, valamint a hálózat tudománnyal való kapcsolatát
- 9.b) Mutasd be a különböző hálózat elméleti mérőszámokat (fokszám, fokszám eloszlás, legrövidebb út, átmérő) valamint osztályozd a hálózatokat fokszám eloszlás szerint
- 10.a) Mutasd be molekuláris hálózatokat (pontok, kapcsolatok, kapcsolatok eredete, gyűjtési lehetőségei)
- 10.b) Mutasd be a fehérje-fehérje kapcsolatok felderítési módszereit

- 11.a) Mutasd be a probablisztikus és kontextus specifikus hálózatokat és köztük lévő különbségeket és a csomópontok típusait
- 11.b) Mutasd be a skála független hálózatok stabilitását
- 12.a) Milyen módszerekkel lehet a fehérjék térszerkezetét meghatározni? Hol és milyen formában lehet a már meghatározott térszerkezetekhez hozzáférni?
- 12.b) Hogyan lehet a fehérjékhez másodlagos szerkezeti elemeket rendelni? Mit jelent a térszerkezetek illesztése, fedésbe hozása? Hogyan lehet a szerkezeti doméneket azonosítani?