

Biológus mesterszak – Záróvizsga tételek – 2019

Molekuláris Genetika, Sejt- és Fejlődéstudomány specializáció

Molekuláris sejtbiológia

1. A plazmamembrán felépítése. Plazmamembrán transzportfolyamatok. A fehérjék ko- és poszttranszlációs kovalens módosításának szerepe a fehérjék válogatásában, transzportjában, és működésük szabályozásában
2. Az eukarióta sejt kompartmentalizációja, az endomembrán rendszer (endoplazmatikus retikulum, Golgi-készülék, endoszóma, lizoszóma) jellemzése, funkciói, anyagforgalomban, sejtek közötti kommunikációban betöltött szerepük.
3. A sejtmag felépítése és működése: a kromoszómák és a genom szerkezete, a hiszton fehérjék és a nukleoszóma. Sejtmaghártya- és kromoszóma-ciklus. A sejtmagi transzportfolyamatok.
4. A sejtek közötti kapcsolatok, szerepük soksejtű élőlényekben. Az alapszövetek típusainak ismertetése. A sejtek molekuláris szintű együttműködése: szignál- és receptor molekulák. A jelátvitel molekuláris mechanizmusai, néhány típus bemutatása konkrét példák alapján.
5. A sejtváz dinamikájának jellemzése, a sejtváz komponenseinek szerepei a sejtek életében. A sejtciklus és szabályozása, a sejtciklus kontrolljának sérülése daganatokban néhány konkrét példa alapján.

Fejlődéstan

6. A petesejt polarizálódása és a testtengelyek meghatározása az ecetmuslica és egy Anamnia példáján.
7. A megtermékenyítéstől a blasztula állapotig vezető lépések és azok molekuláris háttere a *C. elegans* és a *X. leavis* esetében.
8. A gasztruláció mechanizmusai az ecetmuslicában és a madarakban: morfogenezis és molekuláris háttér.
9. A szelvényesség meghatározása az ecetmuslicában.
10. A központi idegrendszer telepének meghatározása és kialakulása egy Anamnia és egy Amniota példáján.

A programozott sejtpusztulás és az autofágia

11. Az apoptózis mechanizmusa és szabályozása.
12. Az ubiquitin-proteaszóma rendszer szerepe az apoptózisban.
13. Az autofágia mechanizmusa és szabályozása.

Tumorbiológia

14. A malignus transzformáció folyamata, a malignus sejtpopuláció jellemzői.
15. A soklépéses karcinogenezis és bizonyítékai, mutagén és karcinogén ágensek.
16. A rák kialakulásának jelátviteli alapjai: onkogének és tumor szuppresszorok. A vírusok szerepe a rák kialakulásában.

Genetika és populációgenetika

17. Gén és mutáció: prokarióta és eukarióta gének, cisztron-gén-ORF fogalmak, a Mendeli öröklődés törvényei, ivari öröklődés, génkölsönhatások, mutációk molekuláris természete, a mutációk funkcionális típusai (Muller morfofok), gén- és kromoszóma mutációk típusai, kémiai és fizikai mutagének, mutagén tesztek.
18. DNS hibajavítás: hibajavító útvonalak (*direct reversal*, bázis kivágó útvonal, nukleotid kivágó útvonal, *mismatch repair*, homológ rekombinációra épülő hibajavítás, hiba toleráns útvonal), DNS hibajavítással kapcsolatos humán betegségek.
19. Mobilis genetikai elemek: McClintock kísérlete kukoricán (Ds, Ac elemek), poláris mutációk, DNS transzpozonok, IS elemek, retrotranszpozonok, a transzpozíció mechanizmusai, géntranszfer transzpozonokkal („Sleeping Beauty”), hibrid diszgenézis, transzpozon-indukált mutáns analízis.
20. A genetikai anyag szerveződése prokariótákban és eukariótákban: epigenetika, a kromatin állomány szerveződése, kromatin módosulás fehérje és DNS szinten és annak hatása a génexpresszióra, X kromoszóma inaktiváció és genomi bevésoédés (*imprinting*).
21. Szex-determináció és dózis kompenzáció: szex-determináció fonalférgékben (*C. elegans*), rovarokban (*Drosophila*) és emlősökben. Dóziskompenzációs mechanizmusok. X kromoszóma inaktiváció, ivari kromoszómák szám-változása és humán konzekvenciái.
22. Rekombináció: kapcsoltság, a génkonverzió és *crossing over* viszonya, tetrád analízis, Holliday modell, a duplaszálú DNS törés modell, rekombináció molekuláris mechanizmusa, géntérképezés, Haldane függvény, LOD analízis.
23. Genomika: genom programok, génkönyvtárak, klónozó rendszerek, genetikai polimorfizmus és kimutatása, genom-szintű elemzések („omikák”), genetikai betegségek, igazságügyi genetika, génszám és szerveződési komplexitás közötti összefüggés, organelláris genomok redukciója, ENCODE projektek.
24. Mikrobiális genetika: kromoszómális szerveződés, géntanszfer lehetőségek, perctérképezés, géntechnológia (vektorok, enzimek), prokarióta génszabályozás (*lac* operon, *trp* operon, pozitív-negatív szabályozás, attenuáció, fág genetika, T4 fág rII lokusza, λ fág (lizogénia szabályozása).

Az eukarióta génműködés szabályozása

25. Az eukarióta transzkripció: cisz- és transz-regulációs apparátus, fehérje toborzás, kombinatorikus és kromatin-szintű génszabályozás, transzkripciós faktorok (*enhancer*-ek és *silencer*-ek), inzulátor szekvenciák, transzkripció, mRNS érés és szerkesztés (*splicing*), transzláció.

26. Poszt-transzkripció génszabályozás: RNS interferencia, si- mi- és piRNS útvonalak (szerkezet és funkció), *reverse* genetikai analízis (géncsendesítés), RNS bontó útvonalak, *nonsense-mediated decay*.

Fejlődés- és molekuláris genetika

27. Fejlődésgenetika: sejtors meghatározás, sejt-sejt kommunikáció, főbb jelátviteli rendszerek, egyedfejlődési funkcióik, episztázis -kettős mutáns elemzés, genetikai és biokémiai útvonalak működési logikája, genetikai interakciók (recesszív és domináns episztázis, komplementer öröklésmenet).

28. *Drosophila* korai egyedfejlődése, anyai hatású gének, *gap* gének, szegmentációs gének, *Hox* gének, differenciáció és sejtpusztulás (*apoptosis*).

Géntechnológia, genetikai analízis

29. Klónozási alapelvek és transzgénikus élőlények: klónozó rendszerek (vektorok és enzimek), expressziós rendszerek, expressziós mintázatok meghatározása, genomszerkesztési módszerek (*Zinkfinger* nukleázok, TALEN nukleázok, CRISPR-Cas9 rendszer).

30. *Gene knockout* rendszerek: Cre-lox, PCR-alapú deléciós izolálás, transzpozon inszerció és remobilizáció, mutációk létrehozása genomszerkesztéssel (CRISPR-Cas9 rendszer), genetikailag módosított élőlények (GMO).

Bioinformatika

31. Szekvencia illesztés: illesztő módszerek (páros - többszörös, globális - lokális), felhasználás, hasonlósági-keresések alapja, hasonlóság-kereső algoritmusok, molekuláris filogenetika, módszerek (távolság és karakter-alapú), a törzsfá megbízhatósága.