

Вопросы к зачету

Биоинформатика и биоинженерия: возникновение, цели, задачи, методы.

Направление передачи информации в живой клетке.

Биологические макромолекулы (ДНК, РНК, белки).

Генетический код и его свойства.

Про- и эукариоты. Особенности организации генома.

Фундаментальные генетические процессы (репликация, транскрипция, трансляция).

Общие понятия о методах получения молекулярно-генетических данных (расшифровки пространственной структуры белков; прочтение аминокислотных и нуклеотидных последовательностей).

Системная биология и омиксы: геномика, транскриптомика, протеомика, метагеномика, метаболомика.

Определение первичных последовательностей нуклеиновых кислот: технологии секвенирования первого, второго и третьего поколений.

Базы данных биологической информации.

Типы записи биологических последовательностей, оценка качества секвенирования.

Методы сравнения первичных последовательностей макромолекул: парное выравнивание, множественное выравнивание. Глобальное и локальное выравнивание.

Выравнивания и филогенетические отношения. Филогенетические деревья и алгоритмы их построения и анализа.

Алгоритмы сборки геномов прокариот. Аннотация собранных геномов. Сравнение ресеквенированного генома с референсной последовательностью.

Микробные сообщества, показатели и методы оценки их разнообразия, понятие "метагеном".

Резистентность микробного сообщества, способы ее приобретения, оценка резистома различных экосистем.

История появления генетики человека, ее методы. Типы наследования.
Хромосомные заболевания. Моногенные и мультифакторные заболевания.

Ресеквенирование генома человека: задачи, методы. Характеристики генома человека.

Экзомное секвенирование. Алгоритм анализа экзомных данных.

Популяционная генетика. ДНК-маркеры. Гаплогруппы. Геногеография.

Базы данных геномной информации.