

KBB/SZZGE - Genomika

1. Genetické mapování – princip, genetické mapy, vazebné mapování, mapovací populace.
2. Asociační mapování, haplotyp, vazebná nerovnováha.
3. Genetické mapování u člověka.
4. Genetické markery – obecná charakteristika, AFLP, SCAR, ISBP markery.
5. Vysokokapacitní markerové systémy – DArT, DArT-seq markery, RAD-seq, *genotyping by sequencing*.
6. Fyzické mapování – princip, typy map, radiační hybridní mapování, optické mapování.
7. Kontigová fyzická mapa, fingerprinting, *whole genome profiling*, sestavování fyzické mapy, integrace fyzických a genetických map.
8. Poziční klonování – fáze genetická, využití kolinearit.
9. Poziční klonování – fáze genomická, poziční klonování u člověka.
10. Strategie celogenomového sekvenování - celogenomové neuspořádané sekvenování, hierarchické sekvenování.
11. Postup celogenomového sekvenování - tradiční přístup (Sangerovo sekvenování) versus sekvenační technologie nové generace, *pair-end* a *mate-pair* sekvenování.
12. Anotace sekvencí.
13. Sekvenační technologie nové generace, obecná charakteristika, technologie Illumina a Pacific Biosciences.
14. SNP – charakteristika, metody identifikace.
15. Metody pro genotypizaci SNP – minisekvenační metody.
16. Metody pro genotypizaci SNP - metody založené na fluorogenních barvivech a HRM analýza.
17. Metody pro genotypizaci SNP - vysokokapacitní technologie (Illumina Golden Gate Assay, Infinium HD Assay) a jejich použití.
18. Analýza transkriptomu - využití mikroarrayí, analýza dat.
19. Analýza transkriptomu - profilování exprese pomocí mikrokuliček, RNAseq.
20. Funkční genomika – metody přímé genetiky.
21. Funkční genomika – metody reverzní genetiky.
22. Projekt mapování lidského genomu – cíle, významné milníky, současný stav.
23. Genomové projekty mikroorganismů, minimální genom. Genomové projekty rostlin a živočichů.