

KBB/SZZGE - GENOMIKA (školní rok 2021-2022)

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, *genotyping by sequencing*.
5. Vysokokapacitní markerové systémy – platformy DArT, DArT-seq, RAD-seq.
6. Fyzické mapování – princip, typy map, radiační hybridní mapování.
7. Fyzická mapa BAC klonů, fingerprinting, sestavování fyzické mapy, integrace fyzických a genetických map.
8. Fyzické mapování pomocí metod 3C, optické mapování.
9. Celogenomové sekvenování – Sangerovo sekvenování versus sekvenační technologie nové generace, technologie Pacific Biosciences.
10. Sekvenační technologie Illumina.
11. Strategie celogenomového sekvenování – redukční přístupy a hierarchické sekvenování.
12. Celogenomové shotgun sekvenování, *pair-end* a *mate-pair* sekvenování, postup sestavování sekvencí.
13. Anotace sekvencí.
14. SNP – charakteristika, metody identifikace – využití heteroduplexů, resekvenování cílových oblastí.
15. Metody pro genotypizaci SNP – minisekvenační metody.
16. Metody pro genotypizaci SNP - metody založené na fluorogenních barvičkách a HRM analýza.
17. Metody pro genotypizaci SNP - vysokokapacitní technologie (Illumina Golden Gate Assay, Infinium HD Assay, Axiom Array) a jejich použití.
18. Analýza transkriptomu - využití mikroarrayí, analýza dat.
19. Analýza transkriptomu - profilování exprese pomocí mikrokuliček, RNA-seq.
20. Funkční genomika – metody přímé genetiky.
21. Funkční genomika – metody reverzní genetiky.
22. Funkční genomika – identifikace regulačních oblastí.
23. Klonování genů.