

KBB/SZZGE - GENOMIKA - 2023

- 1.** Genetické mapování – princip, genetické mapy, genetické markery, vazebné mapování
- 2.** Mapovací populace, mapování pomocí pylových zrn
- 3.** Asociační mapování, haplotyp, vazebná nerovnováha, asociační mapování u rostlin a živočichů
- 4.** Genetické mapování u člověka
- 5.** Celogenomové sekvenování – Sangerovo sekvenování versus sekvenační technologie nové generace, sekvenační technologie Illumina
- 6.** Sekvenační technologie třetí generace – PacBio, ONT
- 7.** Celogenomové sekvenování klon po klonu – konstrukce fyzických kontigových map, MTP, integrace fyzických a genetických map
- 8.** Celogenomové shotgun sekvenování, postup sestavování sekvencí
- 9.** Optické mapování a jeho použití
- 10.** Fyzické mapování pomocí metod 3C
- 11.** Anotace sekvencí, projekt ENCODE
- 12.** SNP – charakteristika, metody identifikace – resekvenování cílových oblastí
- 13.** Metody pro genotypizaci SNP – minisekvenační metody
- 14.** Metody pro genotypizaci SNP - metody založené na fluorogenních barvičkách a HRM analýza
- 15.** Metody pro genotypizaci SNP - vysokokapacitní platformy (Illumina Golden Gate Assay, Infinium HD Assay, Axiom Array) a jejich použití
- 16.** Genotyping by sequencing, platformy DArT-seq, RAD-seq
- 17.** Analýza transkriptomu - využití mikroarrayí, analýza dat
- 18.** Analýza transkriptomu - profilování exprese pomocí mikrokuliček, RNA-seq
- 19.** Funkční genomika – metody přímé genetiky
- 20.** Funkční genomika – metody reverzní genetiky – genetický knock-in a knock-out, syntetické nukleázy
- 21.** Funkční genomika – metody reverzní genetiky – RNA interference, floxing, metody transgenózy
- 22.** Funkční genomika – identifikace regulačních oblastí – analýza přístupnosti chromatinu, CHIP-seq, BS-seq
- 23.** Funkční genomika – identifikace funkčních interakcí chromatinu
- 24.** Klonování genů - tradiční a moderní přístupy, pangenom