

KBB/SZZGE - Genomika

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, postup sestavování sekvencí.
8. Optické mapování a jeho použití.
9. Fyzické mapování pomocí metod 3C.
10. Anotace sekvencí, projekt ENCODE.
11. SNP – charakteristika, metody identifikace – resekvenování cílových oblastí, pan-genomové projekty.
12. Metody pro genotypizaci SNP – minisekvenační metody.
13. Metody pro genotypizaci SNP – metody založené na fluorogenních barvivech a HRM analýza.
14. Metody pro genotypizaci SNP – vysokokapacitní platformy (Illumina Golden Gate Assay, Infinium HD Assay, Axiom Array) a jejich použití.
15. Genotyping by sequencing, platformy DArT-seq, RAD-seq.
16. Analýza transkriptomu – využití mikroarrayí, analýza dat.
17. Analýza transkriptomu – metody RNA-seq, single cell RNA-seq, CAGE.
18. Funkční genomika – metody přímé genetiky.
19. Funkční genomika – metody reverzní genetiky – genetický knock-in a knock-out, syntetické nukleázy.
20. Funkční genomika – metody reverzní genetiky – RNA interference, floxing, metody transgenózy.
21. Funkční genomika – identifikace regulačních oblastí – analýza přístupnosti chromatinu, BS-seq, ChIP-seq, CUT&RUN.
22. Funkční genomika – identifikace funkčních interakcí chromatinu.