

Список вопросов по специальному курсу «Задачи биоинформатики»

Биология

1. Структура прокариотической и эукариотической клетки. Отличие в процессах синтеза белка. Отличия в принципах хранения ДНК. Укладка ДНК в нуклеосому.
2. Структура молекул ДНК и РНК: химическая формула, принцип комплементарности, пространственная структура.
3. Структура белковой цепи: аминокислоты; первичная, вторичная и третичная структура белка; химическая формула.
4. Процесс транскрипции: инициация транскрипции, удлинение цепи. Понятие гена, регуляция гена: промотор, энхансер.
5. Процесс транскрипции: терминация транскрипции. Роль вторичной структуры матричной РНК в терминации транскрипции. Сплайсинг, альтернативный сплайсинг.
6. Процесс трансляции. Транспортная РНК, понятие кодонов, стартовый кодон, стоп кодон.
7. Рибосома и её роль в процессе трансляции. Стадии процесса трансляции.
8. Стадия пост-трансляции. Белки шапероны.
9. Процесс репликации ДНК, роль теломеразы.

Секвенирование ДНК и банки данных геномной и белковой информации

1. Полимеразно Цепная Реакция (ПЦР) и её роль в секвенировании ДНК. Подготовка материалов для секвенирования.
2. Метод Сенгера секвенирования ДНК (Sanger method).
3. Метод пиросеквенирования ДНК (Pyrosequencing).
4. Мировые банки данных и связи между ними.
5. Принцип организации GeneBank. Структура записи в GeneBank.
6. Принцип организации UniProt. Структура записи Swiss-Prot.
7. Назначение и организация банка EnsEMBL. Описание таблиц EnsEMBL, организация склейки генома. Организация Web-интерфейса к геному в EnsEMBL.
8. Хранение пространственной структуры макромолекул. Банк данных PDB (Protein Databank). Структура записи PDB (структура .pdb файла).
9. Средства просмотра .pdb файлов, программа gasmol и её командный язык.

Алгоритмы

1. Алгоритм BLAST поиска последовательностей в банках данных. Известные программные реализации алгоритма BLAST. Организация программного интерфейса NCBI BLAST.
2. Оценка правдоподобия находок в алгоритме BLAST.
3. Методы определения матриц замен. Структура матрицы замен.
4. Парное выравнивание, оценка качества парного выравнивания. Эволюционный смысл парного выравнивания.
5. Множественное выравнивание. Сравнение 2-х профилей выравнивания. Программные реализации алгоритмов построения множественного выравнивания. Метод «прогрессивного» построения множественного выравнивания.
6. Алгоритм построения парного выравнивания Нидельмана-Вунша (Needleman-Wunsch).
7. Алгоритм построения парного выравнивания Смита-Уотермана (Smith-Waterman).
8. Представление Кластерных и филогенетических деревьев. Пакет программ для манипуляции с деревьями phylip. Newick формат представления деревьев.
9. Алгоритм UPGMA построения кластерных деревьев.
10. Алгоритм присоединения ближайшего соседа построения кластерных деревьев (Neighbor Joining).

Список литературы

1. Н.П. Шарова, Е.П. Абрамова Повреждение и починка ДНК или «на всякую прореху найдётся заплатка» // природа 2004 http://vivovoco.rsl.ru/VV/JOURNAL/NATURE/11_04/REPAIR.HTM
2. Чемерис А.В., Ахунов Э.Д., Вахитов В.А. «Секвенирование ДНК» <http://www.anrb.ru/molgen/chemeris.html>

3. Overview and Concepts C.D.Allis, T.Jenuwein and D.Reinberg Epigenetics. - Cold Spring Harbor (N.Y.), 2007. - Chapter 3, P. 23-61 <http://mglinets.narod.ru/slova5/epigenetic.htm>
4. М. Сингер, П. Берг «Гены и геномы»
5. Мушкамбаров «Молекулярная биология»
6. Гасфилд Д. «Строки, деревья и последовательности в алгоритмах: Информатика и вычислительная биология».
7. Р. Дурбин, Ш. Эдди, А. Крэг, Г. Матчисон «Анализ биологических последовательностей».