

Розділ 1. Вирівнювання. Пошук гомологів.

1. Формати файлів послідовностей білків та нуклеїнових кислот та їх особливості.
2. Бази даних, що використовуються для пошуку послідовностей білків та нуклеїнових кислот.
3. Загальні принципи вирівнювання послідовностей білків та НК.
4. Підходи до оцінки та відбору найкращого вирівнювання послідовностей білків та НК.
5. BLAST як приклад он-лайн ресурсів для лінійної біоінформатики: загальна характеристика, застосування.
6. Загальна характеристика варіантів BLAST (NCBI). Роль вибору алгоритмів при пошуку.
7. Особливості вирівнювання амінокислотних послідовностей. Матриці замін.
8. Особливості вирівнювання нуклеотидних послідовностей. Матриці замін
9. Підходи до пошуку гомологічних послідовностей білків за допомогою он-лайн ресурсів.
10. Підходи до пошуку гомологічних послідовностей НК за допомогою он-лайн ресурсів.
11. Основні принципи множинного вирівнювання (multiple alignment).
12. Основні інструменти множинного вирівнювання та їх особливості.
13. Порівняльна характеристика он-лайн ресурсів для множинного вирівнювання Clustal й Cobalt.
14. Основні напрями застосування множинного вирівнювання у аналізі біомолекул.
15. Приклади застосування біоінформаційних ресурсів у філогенетичному аналізі.
16. Використання множинного вирівнювання в аналізі структурних та функціональних ділянок білків.
17. Загальні підходи до анотації геному. Особливості пошуку генів у прокариот.
18. Застосування множинного вирівнювання у молекулярному аналізі геномів. Особливості пошуку генів у еукаріот.
19. Порівняльна характеристика NCBI Gene і NCBI Genome.
20. Характеристика (NCBI) Nucleotide і Protein як прикладів біоінформаційних ресурсів.

Розділ 2. Структурний аналіз білків та їх взаємодії з лігандами.

21. Рівні організації структури білків та методи їх вивчення.
22. Приклади інструментів для візуалізації білкових структур та їх використання.
23. Формати файлів зі структурою біомолекул у базах даних.
24. Загальна характеристика змісту файлів у форматі pdb.
25. Структурне вирівнювання (Structural Alignment) та його оцінка. RMSD.
26. Структурне вирівнювання: загальна характеристика й приклади он-лайн ресурсів.
27. Сучасні уяви про класифікацію білків за особливостями просторової структури. Характеристика БД CATH і SCOP
28. Загальна характеристика БД InterPro (EBI).
29. Порівняльна характеристика БД Pfam (EBI) і PROSITE.
30. Загальна характеристика БД хемоінформатики ChEBI.
31. Загальна характеристика БД хемоінформатики PubChem.
32. Моделювання вторинної структури білків на підставі преференцій амінокислот.
33. Особливості моделювання структури мембранних білків у порівнянні з розчинними.
34. Загальні підходи до моделювання структури білків. Приклади он-лайн ресурсів.
35. Поняття про молекулярний докінг, його різновиди, протокол докінгу та скорінг.
36. Приклади програмного забезпечення для молекулярного докінгу. Застосування докінгу у дизайні ліків.
37. Призначення мов SMILES і SMARTS.
38. Приклади біоінформаційних ресурсів з інформацією про послідовності білків і НК.
39. Приклади ресурсів хемоінформатики, що використовуються для пошуку за хімічною формулою.
40. Приклади ресурсів хемоінформатики, що використовуються для пошуку і аналізу органічних молекул з біологічною активністю.

Розділ 3. Біоінформатика у системній біології

41. Напрями використання біоінформаційних ресурсів у системній біології.
42. Загальна характеристика варіантів омік-досліджень.
43. Приклади біоінформаційних ресурсів з даними в галузі геноміки.
44. Приклади баз даних з інформацією в галузі транскриптоміки.
45. Пошук результатів досліджень генної експресії. БД NCBI GEO. MIAME.
46. Приклади баз даних з інформацією в галузі метаболоміки та протеоміки.
47. Сучасні уяви про функціональну анотацію гена та генну онтологію.
48. Ресурси, які можуть бути використані для пошуку генів з певною онтологією
49. База даних генної онтології AmiGO: загальна характеристика.
50. Бази даних генної онтології QuickGO: загальна характеристика.
51. Принцип та використання аналізу насиченості генної онтології у списку генів.
52. Он-лайн ресурси, що використовуються для аналізу списку генів на насиченість генної онтології.
53. Приклади он-лайн ресурсів, що містять інформацію про обмін речовин.
54. Приклади он-лайн ресурсів з інформацією про ферменти.
55. Застосування он-лайн ресурсів у дослідженнях регуляції генної експресії.
56. Приклади ресурсів, що містять інформацію про сигнальні каскади.
57. Різновиди та застосування біоінформаційних ресурсів у дослідженнях мікроРНК.
58. Загальні уяви про генні мережі.
59. Приклади он-лайн-ресурсів з даними про взаємодію білків.
60. Приклади он-лайн ресурсів, що містять інформацію про взаємозв'язок генів і патологій.

Розділ 4. Бази знань та геномні браузері

61. Загальні уяви про різновиди біологічної інформації та методи її дослідження.
62. Загальна характеристика застосування у аналізі біомолекул серверу NCBI.
63. Загальна характеристика застосування у аналізі біомолекул сервісів EMBL- EBI.
64. Характеристика UniProt як прикладу біоінформаційних ресурсів.
65. Особливості геномних браузерів як біоінформаційних ресурсів.
66. Загальна характеристика опцій геномного браузера на прикладі Ensembl.
67. Загальна характеристика опцій геномного браузера на прикладі UCSC.
68. Спеціальні БД, що використовуються для пошуку літератури з біологічної тематики.
69. Характеристика OMIM як прикладу біоінформаційних ресурсів.
70. Характеристика KEGG як прикладу біоінформаційних ресурсів.
71. Характеристика MedGen як прикладу біоінформаційних ресурсів.
72. Характеристика Genecards як прикладу біоінформаційних ресурсів.
73. Характеристика PDB як багатофункціонального ресурсу структурної біоінформатики.
74. Приклади баз знань в галузі хемоінформатики.
75. Приклади організм-специфічних баз даних.

Примітка

Характеристика БД або ресурсу складається з опису

1) повної назви, 2) варіантів пошуку (за послідовністю, за локалізацією в геномі, за назвою гену, т.п.), 3) інтегрованих інструментів аналізу (вирівнювання, передбачення взаємодії, т.п.), 4) варіантів молекул та 5) організмів, які можуть бути досліджені, 6) он-лайн опцій (закладки, розділи, візуалізація результатів), 7) форматів файлів, які можна завантажити, 8) галузей біології, в яких може використовуватись ресурс. Бажано вказати (9) організацію, яка курує й підтримує роботу ресурсу та (10) рік останнього оновлення або публікації.