

Wprowadzenie do Bioinformatyki

Zagadnienia pomocnicze

Wprowadzenie do Bioinformatyki

Wykład 1

Wstęp do bioinformatyki i biologii molekularnej

Przykładowe pytania

- Czym jest Bioinformatyka i czym się zajmuje?
- Jakie są kluczowe osiągnięcia Bioinformatyki?
- Wyjaśnij na czym polega centralny dogmat biologii molekularnej?
- Jak zbudowane jest DNA i RNA? Czym się różnią? Jakie są podstawowe różnice między DNA i RNA w kontekście: składu, długości, zawartości informacji genetycznej, struktury, lokalizacji, funkcji w komórce?
- Co to jest kod genetyczny i czym się cechuje?
- Na czym polega reguła komplementarności? Na przykładzie podanej sekwencji utwórz jej sekwencję komplementarną.
- Jakie kodony sygnalizują początek i koniec translacji?
- W oparciu o podaną tabelę kodu genetycznego zmodyfikuj daną sekwencję DNA tak aby zawierała mutację jednonukleotydową: cichą/zmiany sensu lub nonsensowną. Opisz na czym polega ten typ mutacji.
- Jakie właściwości DNA czynią z niego doskonały nośnik informacji genetycznej?
- Jak wyglądają poziomy organizacji DNA?
- Wyjaśnij jak działa replikacja, transkrypcja i translacja.

Wprowadzenie do Bioinformatyki

Wykład 2

Biologiczne bazy danych

Przykładowe pytania

- Podaj definicję biologicznej bazy danych oraz cechy dobrej bazy danych.
- Opisz jakie są korzyści z baz danych oraz czym charakteryzuje się dobra baza danych?
- Scharakteryzuj rodzaje biologicznych baz danych z przykładami (pierwotne, wtórne i specjalistyczne bazy danych).
- Podaj przykłady baz sekwencji nukleotydowych, baz białkowych (baz sekwencji, baz strukturalnych, baz rodzin białek) i baz specjalistycznych.
- Czym się charakteryzuje format GenBanku i format FASTA (kod IUPAC)?
- Czym charakteryzuje się UniProt?
- Czym charakteryzuje się NCBI (system przeszukiwania ENTREZ)
- Co charakteryzuje bazę RefSeq?
- Wymień problemy i ograniczenia związane z korzystaniem z biologicznych baz danych.

Wprowadzenie do Bioinformatyki

Wykład 3

Analiza i porównywanie sekwencji

Przykładowe pytania

- Cel poszukiwania podobieństw sekwencji.
- Różnice między pojęciami: homologia a podobieństwo, identyczność a podobieństwo (w kontekście sekwencji nukleotydowych i białkowych).
- Wymień i scharakteryzuj typy homologii.
- Czym jest dopasowanie sekwencji, jakie wyróżnimy strategie, czym się różnią, kiedy je stosować? (dopasowanie globalne, lokalne, semiglobalne).
- Oblicz odległość Hamminga/Levensteina przedstawionych sekwencji.
- Scharakteryzuj metodę macierzy kropkowej najlepiej na przykładzie.
- Scharakteryzuj algorytm Needlemana-Wunscha i Smitha-Watermana wraz z **praktycznym zastosowaniem na przykładzie**, porównaj obie metody.
- Co oznacza penalizacja aficzna, czym się charakteryzuje?
- Czym są macierze punktowania, czym się różni macierz PAM od BLOSUM? Dla jakich aminokwasów substytucje są bardziej prawdopodobne?
- Jakie wyróżniamy metody do poszukiwanie sekwencji podobnych (BLAST, FASTA), czym się różnią.

Wprowadzenie do Bioinformatyki

Wykład 4

Genomika i sekwencjonowanie

Przykładowe pytania

- Czym jest genomika?
- Czym jest genom? Scharakteryzuj genom człowieka.
- Co można powiedzieć o wielkości genomu a liczbie genów oraz wielkości genomu a złożoności organizmu?
- Wymień i scharakteryzuj zawartość genomu: geny i sekwencje związane z genami (DNA kodujący i niekodujący), DNA powtarzający się (powtórzenia tandemowe i rozproszone).
- Na czym polega mapowanie genomów? Jakie rodzaje map genomowych wyróżniamy (opisz i krótko scharakteryzuj).
- Na czym polega sekwencjonowanie?
- Ile wyróżniamy generacji technik sekwencjonowania, czym się różnią? Dla każdej generacji wymień odpowiednie platformy?
- Scharakteryzuj krótko wymienione metody sekwencjonowania.

Wprowadzenie do Bioinformatyki

Wykład 5

Resekwencjonowanie i asemblacja

Przykładowe pytania

- Na czym polega składanie genomów? Wymień i scharakteryzuj metody składania genomów (resekwencjonowanie, asemblacja *de novo*)?
- Jakie pojawiają się problemy w asemblacji?
- Jakimi różniamy typy odczytów, które są skuteczniejsze i dlaczego?
- Jakimi mamy podejściami do asemblacji? Opisz metody oparte o grafy nałożenia OLC i grafy de Bruijn'a, scharakteryzuj wady i zalety tych podejść.
- Zastosuj w praktyce (na przykładzie kilku odczytów) grafy nałożenia OLC i grafy de Bruijn'a.

Wprowadzenie do Bioinformatyki

Wykład 6

Bioinformatyka Strukturalna

Przykładowe pytania

- Wymień i scharakteryzuj hierarchię struktur białkowych (I-IV).
- Czy różni się α -helisa od β -harmonijki, co determinuje to struktury?
- Jakie wyróżniamy struktury (motywy) drugorzędowe RNA/DNA.
- W oparciu o klasyczną reprezentację graficzną, zapisz strukturę II-rzędową RNA w notacji kropkowo-nawiasowej.
- Jakie są metody eksperymentalne ustalania struktury cząsteczki, czym się różnią?
- Jaki format stosuje się dla struktur przestrzennych, jakie informacje zawiera?
- Na czym polega dogmat Anfinsena?
- Porównaj metody eksperymentalne i metody *in silico*.
- Jakie są metody przewidywania struktury cząsteczek? Opisz je krótko.
- Porównaj zalety i wady metody modelowania homologicznego oraz *de novo*.

Bioinformatyka

Wykład 7

Biologia Systemowa

Przykładowe pytania

- Co oznacza biologia systemowa, zdefiniuj to pojęcie?
- Czym jest medycyna systemowa?
- Co oznacza medycyna P4, wymień i opisz pojęcia.
- Co oznacza podejście czarnej skrzynki? Jakie są zastosowania?
- Opisz czym różnią się modele werbalne, fizyczne, formalne, koncepcyjne.
- Co to są modele wielkoskalowe?
- Czym się różni podejście top-down i bottom-up?