ЎЗБЕКИСТОН РЕСПУБЛИКАСИ ФАНЛАР АКАДЕМИЯСИ
ГЕНОМИКА ВА БИОИНФОРМАТИКА МАРКАЗИ

«ТАСДИҚЛАЙМАН»
ЎзР ФА Геномика ва
биоинформатика маркази
директори, проф.: Буриев З.Т.

" 23. 10. 2024 г.

03.00.14 – Геномика, протеомика ва биоинформатика ихтисослиги бўйича
докторантурага кириш имтиҳон
САВОЛЛАРИ

Тошкент – 2024
ЎЗБЕКИСТОН РЕСПУБЛИКАСИ ФАНЛАР АКАДЕМИЯСИ
ГЕНОМИКА ВА БИОИНФОРМАТИКА МАРКАЗИ

03.00.14 – Геномика, протеомика ва биоинформатика ихтисослиги бўйича докторантурага кириш имтиҳон

САВОЛЛАРИ

Тузувчилар:
б.ф.д. З.Т. Бўриев
б.ф.д.В.С. Камбурова
б.ф.н. Ш.Э. Шерматов
б.ф.н. И.Б. Салахутдинов

№	Ф.И.Ш.	Туғилган йили	Иш жойи, лавозими, илмий унвони, мутахассислик шифри
1	Буриев Забардаст Тажибоевич	1975	Геномика ва биоинформатика маркази директори, б.ф.д., проф.: 03.00.14 – Геномика, протеомика ва биоинформатика
2	Камбурова Венера Сейтумеровна	1975	Геномика ва биоинформатика маркази лаборатория мудири, б.ф.д., 03.00.14 – Геномика, протеомика ва биоинформатика
3	Шерматов Шухрат Эрматович	1973	Геномика ва биоинформатика маркази илмий котиби, б.ф.н.., 03.00.03. Молекуляр биология. Молекуляр генетика. Молекуляр биотехнология.
4	Салахутдинов Ильхом Бахтиярович	1977	Геномика ва биоинформатика маркази лаборатория мудири, б.ф.н., 03.00.14 – Геномика, протеомика ва биоинформатика

БИЛЕТЫ ПО ГЕНОМИКЕ

1. Классические методы секвенирования.
2. Основные задачи функциональной протеомики (понятие о транскриптоме и протеоме).
3. Основные базы данных (GenBank, EMBL Nucleotide Sequence Database, UniGene).
4. Особенности организации геномов вирусов.
5. Основные методы протеомных и метаболомных исследований: масс-спектрометрия, двумерный гель-электрофорез, жидкостная хроматография, аффинные методы.
6. "Выравнивание" нуклеотидных последовательностей.
7. Методы редактирования геномов.
8. Цели и задачи протеомики и метаболомики, методы исследования белков и метаболитов.
9. Компьютерная обработка экспериментальных данных в транскриптомике.
10. Особенности процесса экспрессии генов. Факторы транскрипции.
11. Роль структуры белков в контроле активности ферментов.
12. Молекулярное взаимодействие и базы данных метаболических путей (KEGG, MetaCyc, SPAD, MPW, EMP, BRITE, EcoCyc, BioCyc).
13. Плазмидные векторы. Трансформация и отбор.
14. Белки как результат генной экспрессии. Полиморфизм белков.
15. Компьютерный анализ последовательностей белков: основные базы данных (Swiss-Prot, NCBI Protein Database)
16. Типы молекулярных маркеров, преимущества и недостатки использования.
17. Выявление минимального набора жизненно важных функций, первичные, вторичные, третичные и четвертичные структуры белков.
18. "Выравнивание" аминокислотных последовательностей, поиск белковых "мотивов".

19. Методы для обнаружения отдельных генов и оценки их функций (in situ гибридизация, ДНК-footprinting и другие).
20. Сравнение последовательностей белков. Ортологи. Паралоги. Ксенологи.
21. Предсказание функции белка на основании нуклеотидной последовательности.
22. Сателлитная ДНК-основа ДНК-полиморфизма. Содержание и локализация в хромосомах, классификация.
23. Методы разделения белков.
24. Построение карт взаимодействия между белками в клетке.
25. РНК-интерференция. Поиск антисенс-транскриптов.
26. Применение данных протеомики и метаболомики в сельском хозяйстве и медицине.
27. Классы структур данных: иерархические, сетевые и реляционные. Уровни представления данных.
28. Технологии высокопроизводительного секвенирования.
29. Основные методы протеомных и метаболомных исследований: масс-спектрометрия, двумерный гель-электрофорез, жидкостная хроматография, аффинные методы.
30. Цели и задачи биоинформатики, методы, используемые в биоинформатике.
31. Особенности организации геномов прокариот и эукариот.
32. Другие методы сравнения последовательностей (базы белковых доменов, филогенетический профиль, fusion-белки, анализ ближайших соседей).
33. Поиск последовательностей генов, поиск открытых рамок считывания
34. Методы генетической трансформации растений.
35. Регуляция активности протеома путем изменения количественного и качественного состава белков.
36. Компьютерный анализ транскрипции локуса.
37. Филогенетические деревья. Построение филогенетических деревьев на основании полинуклеотидных и полипептидных последовательностей.

38. Белковые маркеры и их практическое применение.
39. Компьютерное моделирование белков.
40. Экспрессия генов и ее основные звенья. Особенности процесса экспрессии генов.
41. Основные методы транскриптомики: ДНК-микрочипы, количественная ПЦР (ПЦР в реальном времени) и другие.
42. "Трансляция" нуклеотидной последовательности в аминокислотную, поиск сайтов рестрикции
43. ДНК-маркеры: типы генетических маркеров и их практическое применение.
44. Основные методы протеомных и метаболомных исследований: масс-спектрометрия, двумерный гель-электрофорез, жидкостная хроматография, аффинные методы.
45. Базы и банки данных. Обработка данных.
46. Методы картирования генома. Типы геномных карт и их взаимоотношения.
47. Агробактериальная трансформация. Трансформация целых растений (in planta).
48. Предсказание потенциальных сайтов пост-трансляционных модификаций белков и белок-белковых взаимодействий.
49. Факторы транскрипции.
50. Типы эпигенетической модификации. Методы изучения эпигенетической модификации.
51. Картирование с помощью молекулярно-генетических маркеров. Физические карты низкого разрешения
52. Вариабельность генома. Мутации и полиморфизмы. Типы вариабельности последовательности ДНК.
53. Масс-спектрометрия пептидов и белков, MALDI и Q-TOF-масс-спектрометрия.

54. Компьютерный подбор праймеров для ПЦР.
55. Рестрикционные эндонуклеазы. Плазмидные векторы.
56. Молекулярные шапероны. Прионные белки.
57. Компьютерные программы, применяемые в протеомике для обработки результатов двумерного электрофореза и масс-спектрометрии.
58. Структура генома человека. Повторы в геноме человека.
59. Виды модификаций гистонов.
60. Компьютерный анализ последовательностей белков: основные базы данных (Swiss-Prot, NCBI Protein Database).