**Программа коллоквиума**

**Вопросы 1 – 5 засчитываются автоматом у студентов, получивших зачёт за контрольную по лекции 8**

**1. Сигналы в ДНК**

Сила сигнала (Л8\_стр5)

Что закодировано в геноме: что изучено хорошо, что изучено недостаточно (Л8\_стр6-12)

Характеристики сигнала в геноме (Л8\_стр13)

**2. Основные сигналы в геноме**

Репликация у бактерий (Л8\_стр15-18)

Транскрипция: старт и терминация (Л8\_стр19-25)

Старт трансляции (Л8\_стр26-30)

**3. Технологии поиска и описания сигналов в геноме**

Перечислить основные виды описаний при наличии выборки известных сигналов (Л8\_стр32)

Метилирование ДНК как один из видов эпигенетики у животных. Воспроизведение статуса метилирования ДНК при репликации (Л8\_стр34-38)

Метилирование ДНК у прокариот (Л8\_стр39-46)

**4. Позиционная весовая матрица (PWM)**

Этапы использования PWM (Л8\_стр47)

Почему короткие сигналы в ДНК не содержат гэпов (Л8\_стр48-49)

В чём недостатки паттернов для описания и поиска сигналов (Л8\_стр50)

Шаги вычисления матрица PWM. Вес последовательности выровненной с PWM (Л8\_стр51-57)

**5. Энтропия (H) и информационное содержание (IC) (Л8\_стр60-64)** Формула IC по Шнайдеру (Л8\_стр61)

Единицы измерения IC и максимальное значение IC колонки выравнивания сигналов. LOGO

**6. Распространённые укладки ДНК узнающих доменов транскрипционных факторов** (Л9-стр9-14,19)

**7. Поиск сигналов *de novo* пакет MEME**

Алгоритм MEME (Л9-стр26-27)

FIMO:Вход, выход (Л9-стр33)

**8. Мотивы в доменах белков** (Л10-4-5)

**9. Поиск мотивов в выравнивании**

ДНК метилтрансферазы. Работа в классе пр.10 (Л10-7-12)

Составление паттерна; поиск по паттерну. Формат Prosite (Л10-23-26).

Паттерны в Jalview (Л10-22, 27-29)

**10. Position specific scoring matrix (PSSM)**

Использование PSSM (Л10-40)

В чём сходство с PWM (Л10-33-35)

В чём отличие от PWM (Л10-35, 36-39)

**11. PSI-BLAST**

Алгоритм PSI-BLAST (Л10-41-42)

**12. Использование MEME для последовательностей белков** (Л10-47)

**13. Недо- и пере- представленность слова в ДНК**

Почему может быть интересно (Л10-51)

Контраст (CB) По Карлину (Л10-53-55)

**14. HMM-profiles**

Применение профилей (L11-стр16)

Отличие профилей от PSSM (L11-стр16)

Этапы построения и использования профиля (L11-стр18)

HMM-профиль как «автомат» для генерации последовательностей (L11-стр22-27) распечатка

Текстовый формат .hmm HMM-профиля (L11-стр31-32) распечатка

Отличия пакета HMMER3 от HMMER2 (L11-стр35)

**15. Домены и Pfam**

Домен и доменная архитектура (Л11-40-45) распечатка

Единица хранения в Pfam (Л11-46)