Okruhy otázek předmětu Metagenomika

* Využití Metagenomiky
* Co je předmětem studia Metagenomiky
* Rozdíl mezi cíleným a celometagenomovým sekvenováním
* K čemu lze využít NGS
* Dostupné technologie NGS
* Rozdíl mezi Sangerovým sekvenováním a NGS
* Rozdíl mezi druhou a třetí generací sekvenování
* Princip pyrosekvenování 454, zkrácený workflow
* Podrobný princip sekvenování na přístrojích Illumina (vznik klastrů, vysvětlit co je můstková amplifikace, jak se připojují nukleotidy, co je to base space atd.), jaké přístroje jsou na trhu
* Princip Ion Torrent, zkrácený workflow
* Srovnání platforem - výhody, nevýhody
* Vyjmenování dostupných platforem 3. generace, zkrácený princip, v čem jsou lepší než 2. generace a k čemu je lze využít
* Důležité kroky při odběru vzorků (půda, voda, biologické vzorky)
* Možné přístupy izolace DNA a cíle izolace DNA
* Faktory ovlivňující výsledek sekvenace genu pro 16S rRNA
* Výhody sekvenace genu pro 16S rRNA
* Strategie přípravy amplikonů
* Příprava knihoven pro celometagenomové sekvenování – rozdíl mezi enzymatickou a mechanickou fragmentací, výhody x nevýhody
* Cíleně obohacené knihovny – multiplexová PCR a obohacení pomocí sond – krátce principy a na co je který přístup vhodný
* NGS formáty – názvy, k čemu slouží quality score
* Analýza dat – workflow, proč se který krok dělá, k čemu slouží
* Výstupy z analýzy dat (alfa a beta diverzita, OTU tabulka, grafy se složením mikrobiomu, shluková analýza, korelace)
* Databáze 16S rRNA genu
* Nástroje na analýzu metagenomických dat
* Vysvětlení alfa a beta diverzity
* Indexy diverzity
* Metagenomika eukaryot a virom – proč je to problematičtější, jak se může postupovat?
* Transkriptomika – jak lze postupovat při přípravě knihovny