**Вопросы для подготовки к зачету (2015)**

1. Транскрипция — ключевой этап экспрессии гена, функции РНК-полимеразы, основные этапы транскрипции.
2. Транскрипция у прокариот, характеристика основных регуляторных белков и регуляторных последовательностей.
3. Особенности транскрипции у эукариот. Типы РНК-полимераз.
4. Субъединичный состав РНК-полимераз эукариот. Доменная организация РНК-полимеразы II и роль доменов в реализации функции РНК-полимеразы.
5. Транскрипционный цикл, осуществляемый РНК-полимеразой II. Роль С-концевого домена РНК-полимеразы II в транскрипционном цикле.
6. Основные классы белков, регулирующих транскрипцию эукариот и их краткая характеристика.
7. Базальные транскрипционные факторы. Базальный транскрипционный комплекс, модели его формирования.
8. Регуляторные элементы и регуляторные единицы (районы), контролирующие транскрипцию генов эукариот.
9. Транскрипционные факторы, два варианта их классификации, пути активации.
10. Влияние нуклеосомной укладки ДНК на интенсивность транскрипции. Механизм регуляции плотности нуклеосомной укладки при участии транскрипционных факторов.
11. Модификации хроматина, влияющие на интенсивность транскрипции генов эукариот.
12. Локус-контролирующие районы, MAR и инсуляторы, их влияние на транскрипцию. Роль белков CTCF.
13. Базы данных по регуляции транскрипции. Охарактеризовать одну из известных Вам баз, содержащую информацию по регуляторным элементам (кроме TRRD). Охарактеризовать одну из известных Вам баз по белкам, регулирующим транскрипцию.
14. Характеристика базы TRRD. Типы данных, аккумулированных в TRRD, возможности поиска данных.
15. Чем определяется различие конформационных параметров между динуклеотидами?
16. Каким образом принято описывать взаимное расположение пар нуклеотидов относительно друг друга? Связь между системой координат и основными конформационными параметрами.
17. Классификация ДНК-связывающих доменов транскрипционных факторов. Опишите суперклассы ДСД
18. Правила Калладина.
19. Оценка качества работы программ предсказания сайтов связывания.
20. Метод реализаций.
21. Gibbs sampler.
22. Метод локального множественного выравнивания регуляторных последовательностей на примере программы CONSENSUS.
23. Метод к-плетов.
24. Метод консенсуса и матричные методы описания и распознавания сайтов связывания транскрипционых факторов.
25. Что такое промотор, какова его структура, зачем необходимо распознавание промоторов, какие характеристики промотора могут быть использованы для его распознавания.
26. С помощью каких теоретических и экспериментальных подходов происходит распознавание промоторов. В чем заключаются основные подходы распознавания промоторов.
27. Понятие выравнивания, мотива, частотной и весовой матрицы. Недостатки и достоинства метода весовых матриц. Распознавание сайтов с помощью выборки обучения и de novo.
28. Приведите примеры реализации метода распознавания промотора. Опишите методику сравнения точности различных методов распознавания.
29. Перечислить особенности трансляции у прокариот.
30. Перечислить особенности трансляции у эукариот.
31. Два механизма инициации трансляции у эукариот
32. Контекстные характеристики лидерной последовательности мРНК (5’-НТП), влияющие на эффективность трансляции эукариот.
33. Сигналы посттранскрипционного контроля экспрессии. Описать функционирование регуляторных сигналов на примере IREs (iron-responsive elements).