

АНКЕТА

для желающих участвовать в Школе для молодых учёных,
проводимой в рамках IX Съезда ОФР

НАПРАВЛЕНИЯ:

- ✓ Геномика растений
- ✓ Транскриптомика растений
- ✓ Геномное редактирование и дизайн нового поколения трансгенов
- ✓ Протеомика растений
- ✓ Метаболомный анализ растений
- ✓ Гликоинформатика растений

ПЕРСОНАЛЬНЫЕ ДАННЫЕ

ФИО

Дата рождения

Учреждение (полное название, город, страна)

Подразделение (лаборатория)

Учёная степень, звание, должность

МОТИВАЦИЯ – вопросы по выбранному направлению

Опишите свой практический и теоретический уровень в области выбранного направления (не более 300 слов)

Какие конкретные задачи Вы хотите научиться решать в процессе прохождения курса по выбранному направлению (не более 300 слов)?

Как Вы планируете использовать багаж знаний и навыков, которые получите в рамках школы (не более 200 слов)?

Планируете ли Вы поделиться полученными знаниями с коллегами, если да, то с кем (не более 100 слов)?

Есть ли у Вас рекомендации/пожелания к организаторам школы, например, с какими (дополнительными к предварительной программе) «разделами» в рамках выбранного направления Вы бы хотели познакомиться на Школе?

Далее...

СПЕЦИАЛИЗИРОВАННЫЕ вопросы по направлениям:

ГЕНОМИКА

Ссылка: <https://forms.gle/VbxMmSc6EZtfMjPf8>

Знакомы ли Вам принципы работы одной из платформ высокопроизводительного секвенирования (Illumina, 454, SOLiD, PacBio...)?

Знакомы ли Вы с теорией графов (терминология, общие понятия)?

Можете объяснить разницу между ортологами и паралогами?

Работали ли Вы в командной строке Linux и подключались ли Вы когда-нибудь к удаленной машине (серверу) по ssh?

Имели ли Вы ранее опыт работы с данными NGS (любой, практический)?

ТРАНСКРИПТОМИКА

Ссылка: <https://forms.gle/iV26qvkTLpegnFQR6>

Есть ли у Вас опыт работы с языком программирования R?

Если у Вас есть опыт работы с языком программирования R, умеете ли Вы устанавливать пакеты для R с Bioconductor?

Есть ли у Вас опыт работы с выделением РНК для секвенирования РНК?

Есть ли у Вас опыт работы с single-cell RNA-seq (секвенирование РНК в одиночных клетках)?

ГЕНОМНОЕ РЕДАКТИРОВАНИЕ И ДИЗАЙН НОВОГО ПОКОЛЕНИЯ ТРАНСГЕНОВ

Ссылка: <https://forms.gle/5m6iwEWMZWJehasK7>

Есть ли у Вас опыт в создании генно-инженерных конструкций?

Работали ли Вы раньше с трансгенными растениями (получение, анализ)?

Определена ли нуклеотидная последовательность генома Вашего объекта исследований?

Разработана ли система трансформации и регенерации для Вашего объекта исследования?

ПРОТЕОМИКА

Ссылка: <https://forms.gle/rmQhubShCNammYvp7>

Имеете ли Вы практический опыт работы с масс-спектрометрией?

Прослушивали ли Вы курсы по протеомному анализу и/или масс-спектрометрии? Если да, то какие?

Имеете ли Вы опыт работы с программным обеспечением MaxQuant и Perseus?

Используете ли Вы методы протеомики в Вашей работе, и если да, то какие и при выполнении каких задач?

МЕТАБОЛОМИКА

Ссылка: <https://forms.gle/kVNaaU9FepoiY7jq6>

Знакомы ли Вам понятия целевого и нецелевого метаболомного анализа?

Есть ли у Вас опыт работы с инструментальными платформами ГХ-МС, ВЭЖХ-МС/МС, МАЛДИ, используемыми в метаболомном анализе?

Анализировали ли Вы раньше данные газовой и жидкостной хромато-масс-спектрометрии? Если да, то на платформе каких программ Вы выполняли данный анализ?

Есть ли у Вас опыт работы с программой AMDIS?

ГЛИКОИНФОРМАТИКА

Ссылка: <https://forms.gle/ymKbADU2Eswgh39RA>

Перечислите углеводные и/или гликозилтрансферазные базы данных, которыми Вы пользуетесь в своей работе (*не более десяти самых востребованных*)

Есть ли у Вас опыт работы в базе данных CAZy? Если да, то какие задачи приходилось решать? Что рассматриваете в качестве наиболее непонятного в статьях, описывающих эту базу данных, и/или при работе с ней?

Какие инструментальные методы Вы используете для установления первичной структуры природных углеводов и гликоконъюгатов? (*не более пяти примеров*)?

Какие инструментальные методы Вы используете для установления пространственной структуры природных углеводов и гликоконъюгатов? (*не более пяти примеров*)? В случае если среди методов есть ЯМР, напишите, какие эксперименты Вы умеете интерпретировать.

Какие уровни теории, расчетные методы, силовые поля и /или базисные наборы Вы используете для получения молекулярной геометрии углеводов (если используете) (*не более пяти примеров*)?

На каком уровне Вы владеете программированием? (*нужное подчеркнуть*)

- нулевой;
- простейшие скрипты для научных программ;
- скрипты для программ и работа с данными в разных форматах;
- web-программирование интерфейсов;
- знание технологий и форматов, специфичных для химии и биологии; знание общих технологий информатики и одного или нескольких языков программирования;
- владение приемами разработки софта в комплексе и навыки системного архитектора;
- низкоуровневое программирование, хакинг и схемотехника

Владеете ли Вы каким-либо компьютерным языком хемоинформатики (SMILES, InChI, MOL и т.д.) и/или одним из специальных углеводных языков (GlycoCT, WURCS и т.д.), либо способов визуализации углеводов (CFG, SNFG, SweetDB и т.д.)?

Каков Ваш уровень владения фенетикой (*подчеркнуть один из 4 вариантов*)?

- нулевой;
- базовые представления - знаю, что такое филогенетические деревья;
- понимаю принципы, по которым они получаются;
- могу самостоятельно построить, визуализировать и интерпретировать фенетическую схему с желаемыми параметрами

Каковы Ваши представления о разнообразии растительных углеводов (или углеводов другого домена, если вы работаете именно с ними) (*подчеркнуть один из 4 вариантов*)

- никаких;
- представляю основные остатки и типы связей;
- знаю ее химические и биологические обоснования, имею представление о распределении большинства структурных характеристик;
- могу самостоятельно сгенерировать распределение любых структурных характеристик с привязкой к таксономии, включая данные по агликонам