

Bioinformatika izpit B, 26. 1. 2015

1. Opiši FASTA zapis.
2. Kaj pomeni izraz anotacija v bioinformatiki? Ali ta izraz uporabljamo v zvezi z bazo podatkov ExPASy?
3. Kaj je rezultat poravnave S (S-score)? Zakaj ga uporabljamo? V kakšni povezavi sta S score in vrednost E?
4. Kakšne matrike bi uporabil za primerjavo zaporedij? Kako bi izračunal težo vrzeli? (oz neki takega..)
5. Kaj je klasifikacija genske ontologije? Glede na katere tri kategorije delimo gene in njihove produkte?
6. Swiss model repository – kaj je in kako so pridobljeni podatki, ki jih ta baza podatkov hrani?
7. Opiši, kam bi pogledal, če obstajajo patenti (ne patentni predlogi!) za neko biološko temo, ki te zanima? Opiši.
- 8.

Za obkroževat:

1. Kakšno je zaporedje po velikosti baz podatkov (od največje do najmanjše) – GenBank, UniProt/Swiss Prot, PubMed, PDB, pa še neki.
2. V katerem izmed naštetih strežnikov ni bibliografskih informacij (našteti so bli 4 – OMIM, exPASy?, ..)?
3. Kakšen je fasta zapis za zaporedje aminokislin: Ne vem kira, Pro ,Trp , Glu ,Ile?
4. Kaj je baza RM??? ' neko povprečje je blo omenjeno – zmeda.
5. Za razporedit 6 baz na levi strani z opisi na desni (Uniprot/SwissProt, NCBI, GenBank, PDB, DALI, Prosite)(slabo anotirana baza, za 3D strukture, za primerjavo struktur proteinov, sekundarna baza, baza nt zaporedij, še neki).
6. Kam bi šel primerjat aminokislinsko zaporedje (blast p, blast n, blast x, neki še).

Vprašanja glede R:

1. Kako spremenimo poddirektorij (mapo)? (setwd, setdir, getwd, getdir)
2. Kaj pomeni X[-3,]?
3. Kako izberemo iz tabele vrstico z višino (tabela-visina, tabela\$visina, tabela%visina, tabela#visina)
4. Neki z xyz.