

Izpit iz bioinformatike, januar 2006

- 1) Kako najdemo mejo med signalnim peptidom in zrelim proteinom?
- 2) Zakaj program blast deluje hitreje od smith-watermanovega algoritma?
- 3) Koliko različnih nt zaporedij kodira protein z 90 ak (približna številka)? Koliko bralnih okvirjev je v 90 baznih parov dolgem nt zaporedju?
- 4) Kako program clustal določi vrednost za uvedbo delecije? Nastej 4 stvari.
- 5) Narisana je distancna matrika, določi sekundarne strukture in koliko je katere.
- 6) Kako deluje metoda rezanja (jackknife) in kaj z njo ugotovimo?