

Bioinformatika junij 2007

1. Kako ločimo signalni peptid od zrelega proteina?
2. Skiciraj insercijo v enem zaporedju glede na drugo zaporedje v točkovni matriki. Zakaj uporabljamo različne filtre za točkovne matrike nukleotidnih in aminokislinskih zaporedij?
3. Kaj pomeni vrednost 0 v matriki PAM160? Je matrika simetrična? Kakšne so vrednosti na diagonali?
4. Kako prepoznamo eksone v evkariontih?
5. Opiši metodo rezanja ("jackknife") za analizo filogenetskih dreves.
6. Kako prepoznamo obvite vijačnice v aminokislinskem zaporedju?
7. Kaj je hidrofobni moment? Za kaj ga lahko uporabimo?
8. Protein s 150 aminokisljinami. Koliko nukleotidnih zaporedij (približno število) lahko kodira ta protein? Koliko bralnih okvirov je v poljubnem proteinu s 150 aminokisljinami?