

Pisni izpit 13.5.2005

1. Kaj je in kako deluje metoda vezenja (»bootstrapping«) za analizo filogenetskih dreves?
2. Kakšne so značilnosti signalnih peptidov, kako prepoznamo lokacijo mesta cepitve?
3. Ali je večja verjetnost, da v zaporedju DNA najdemo zaporedje GCG ali ACNNGT, če je frekvenca vseh štirih nukleotidov enaka? Kolikokrat pričakuješ, da se prvo zaporedje pojavi na 3000 bp dolgem kosu DNA?
4. Koliko različnih nukleotidnih zaporedji lahko kodira za protein, sestavljen iz 120 aminokislin (približna številka)? Koliko bralnih okvirjev je v 120 nukleotidov dolgem DNA zaporedju?
5. Zakaj pri iskanju podobnih aminokislinskih zaporedji uporabljamo matrike zamenjav in na kakšni osnovi so narejene?
6. Na kakšen način ugotovimo podoben strukturni vzorec zvitja med dvema proteinskima strukturama?