

Biokemijska informatika, izpit, maj 2006

1. Kaj so obvite vijačnice in kako jih v aminokislinskem zaporedju prepoznamo?
2. DNA cepiš z AluI (AGCT). Izračunaj najbolj pogoste dolžine fragmentov, če je frekvenca G 15 % večja od A.
3. Kako prepoznaš promotorska zaporedja (TATA box) pri bakterijah?
4. Zakaj potrebuje Clustal drevesa? Ali se drevo nariše pred ali po prileganju?
5. 2 proteina na osnovi podobnosti zaporedij (podana je bila 1. vrstica FASTA formata). Kateri je bolj verjetno podoben (X) proteinu? Ali sta homologna? Kaj pomeni vrednost E? Kako se E izračuna? Ali bi se E spremenil, če bi iskal med vsemi organizmi ali pa samo med človeškimi?
6. Kako primerjamo med sabo 3-D strukture podobnih proteinov?