

Izpit bioinformatika 10.5.2007

1. kaj je vzrok, da je algoritem BLAST tako hiter pri iskanju podobnih zaporedij?
2. naštej nekaj signalov v zaporedju DNA, ki uravnavajo aktivnost genov? Na kakšen način (s kakšnimi algoritmi) jih lahko najdemo v zaporedjih?
3. na kakšen način ocenimo, če je prileganje med dvema zaporedjema statistično pomembno
4. razloži princip metode vezanja (bootstrap) za analizo zanesljivosti
5. kako oziroma ali lahko v zbirki AK zaporedij iščemo podobnosti z nukleotidnim zaporedjem?
6. kako določamo mejo med signalnim peptidom in zrelim peptidom
7. kaj je to BLOSUM62 matrika? Kaj pomeni oznaka 62?
8. kako program Clustal izračuna vrednost kazni za uvedbo delecije-vsaj 4 dejavnike naštej