

IZPIT 7.9.2006

1. Prikaži insercijo v točkovni matriki. Zakaj uporabimo različne filtre pri točkovnih matrikah aminokislin in nukleotidov?
2. Kako (oziroma če lahko) v bazi nukleotidnih zaporedij iščemo aminokislinska zaporedja.
3. Na podlagi česa Claustal nariše prvo drevo? Zakaj je to potrebno?
4. Kaj je strukturni 3D-1D profil, kakšno prednost ima ta metoda pred običajnim iskanjem podobnih zaporedij in kakšne so druge uporabnosti te metode.
5. Pogoji za patent.
6. Kakšna mora biti vrednost A-ja, da dobimo čim več fragmentov po cepitvi z restriktazo na mestu CAATTG? Kje dobimo manjše fragmente pri A=30% ali A=15%?