

1. У яких основних форматах можуть бути надані послідовності білків та нуклеїнових кислот?
2. Від чого залежать очки за вирівнювання амінокислот?
3. Великі чи малі штрафи треба підібрати при вирівнюванні дуже схожих послідовностей?
4. За вирівнювання лейцину і ізолейцину нараховано 2 очка, а лейцину і аспарагинової кислоти менш 0. Поясніть розбіжність у очках
5. За допомогою якої програми можна отримати профілі послідовностей?
6. За появу триптофану у одній і той же позиції у 2-х білків нараховано 17 очок, а наявність серину у одній і той же позиції – тільки 2 очка. Поясніть.
7. За що нараховують штрафи (penalties) при вирівнюванні послідовностей?
8. За що нараховують очки (scores) при вирівнюванні послідовностей?
9. Інформацію про які молекули містять бази даних EMBL і GenBank?
10. Інформацію про які молекули містять бази даних TrEMBL і UniProt?
11. Інформацію про які молекули можуть містити файли у форматі *.fasta?
12. Інформація про які молекули містять бази даних GenBank і DDBJ?
13. На чому базується передбачення вторинної структури білку у методах Chou-Fasman и GOR?
14. Назвіть етапи передбачення структури білку у методі гомологічного моделювання.
15. Назвіть етапи передбачення структури білку у методі моделювання ab initio.
16. Назвіть основні етапи дизайну ліків з використанням біоінформатики.
17. Назвіть основні напрями використання множинного вирівнювання.
18. Назвіть основні різновиди докінгу.
19. Назвіть приклади геномних браузерів.
20. Назвіть приклади програм для множинного вирівнювання.
21. Назвіть приклади програм для філогенетичного аналізу.
22. Основні методи кластерування (побудови філогенетичних дерев) у програмі Simple Phylogeny (EMBL).
23. Назвіть приклади програм, які використовуються для молекулярного моделювання.
24. Назвіть приклади програм, які використовуються для молекулярного докінгу.
25. Назвіть приклади ресурсів, що використовує системна біологія.
26. Назвіть приклади ресурсів, що використовує структурна біоінформатика.
27. Назвіть приклади ресурсів, що містять інформацію про генну експресію.
28. Назвіть приклади ресурсів, що містять інформацію про метаболічні шляхи.
29. Назвіть приклади ресурсів, що містять інформацію про мікроРНК.
30. Назвіть приклади ресурсів, що містять інформацію про обмін речовин.
31. Назвіть приклади ресурсів, що містять інформацію про регуляцію транскрипції.
32. Назвіть приклади ресурсів, що містять інформацію про структуру білків.
33. Назвіть приклади ресурсів, що містять інформацію про ферментативні процеси.
34. Перечисліть основні методи передбачення 3D структури білку

35. Пояснить основний принцип відбору найкращого вирівнювання послідовностей.
36. Пояснить принцип аналізу насиченості генної онтології у списку генів..
37. При аналізі яких геномів визначається переважно ORF?
38. Про який ступінь подібності свідчить величина $0 < \text{RMSD} < 1,5 \text{Å}$?
39. Про який ступінь подібності свідчить величина $\text{RMSD} = 5 \text{Å}$?
40. Розшифруйте, що таке у аналізі послідовностей «HMM».
41. Скільки амінокислот у ділянці білка повинно проявити схильність до формування спіralи для передбачення спіralи у цій ділянці?
42. Скільки амінокислот у ділянці білка повинно проявити схильність до формування β -структури для її передбачення у цій ділянці?
43. Скільки амінокислот у ділянці білка повинно проявити схильність до формування β -структури для її передбачення у цій ділянці?
44. У результаті множинного вирівнювання створена консенсусна послідовність з ділянкою XXSYIXA. Пояснить, що означають ці літери?
45. У результаті множинного вирівнювання у PROSITE отримана ділянка $-\text{[LIM]}-\text{A}-\text{x}(2)-\text{[ST]}-\{\text{P}\}-$. Які висновки можна зробити про послідовності?
46. У формулі розрахунку штрафів при вирівнюванні: $A+B \cdot I$ яка частина враховує саму наявність пробілу?
47. У формулі розрахунку штрафів при вирівнюванні: $A+B \cdot I$ яка частина враховує довжину пробілу?
48. У чому особливості нарахування очок за амінокислотні заміни (при вирівнюванні)?
49. У чому особливості нарахування очок за нуклеотидні заміни (при вирівнюванні)?
50. Де у структурі білку звичайно розташовуються loops – на поверхні або у структурному ядрі (корі)?
51. Для чого використовується програма RasMol?
52. У яких ділянках частіше зустрічаються гліцин і пролін: а) helix, б) strand, в) loops?
53. У якому форматі можуть бути надані дані про структуру білку (з координатами атомів)?
54. У якому форматі послідовності завантажуються для множинного вирівнювання?
55. Чи відрізняються молекули, які відбирають для філогенетичного аналізу дуже віддалених організмів? Наведіть приклади.
56. Чи відрізняються молекули, які відбирають для філогенетичного аналізу близькоспоріднених організмів? Наведіть приклади.
57. Чому визначення ORF називають шести-рамочною трансляцією?
58. Чому при анотації геному прокариот основним етапом є визначення ORF?
59. Чому укладку структурного кора легше передбачувати при гомологічному моделюванні білків, чим ділянки loops?
60. Які амінокислоти частіше зустрічаються у ділянках loops?
61. Що може бути більше 1: P вирівнювання чи E вирівнювання? Пояснить.
62. Що позначають у гомологічному моделюванні «target»?
63. Що позначають у гомологічному моделюванні «template»?
64. Що представляє собою «анотація геному»?

65. Що таке генна онтологія?
66. Які ресурси містять інформацію про генну онтологію?
67. Що таке у вирівнюванні gap-extension penalty?
68. Що таке у вирівнюванні gap-opening penalty?
69. Що характеризує генна мережа (у системній біології)?
70. Що характеризує метаболічна мережа (у системній біології)?
71. Що характеризує регуляторна мережа (у системній біології)?
72. Що характеризує силове поле у методі молекулярної динаміки?
73. Який висновок можна зробити з такої інформації: для валіну helical propensity = 0,90; strand propensity = 1,87?
74. Який висновок можна зробити з такої інформації: для глутамінової кислоти helical propensity = 1,59; strand propensity = 0,52?
75. Який висновок можна зробити з такої інформації: для фенілаланіну helical propensity = 1,16; strand propensity = 1,33?
76. Який параметр використовується для оцінки структурної подібності при структурному вирівнюванні?
77. Який параметр використовується у розрахунку RMSD при оцінюванні структурної подібності?
78. Який процент ідентичних амінокислот повинен бути виявлений у 2-х білкових послідовностей, що проявляють подібність структури, якщо довжина вирівнювання не менш 80 залишків?
79. Які етапи необхідні для анотації геному вищих еукаріот?
80. Які мови використовують для подання хімічних формул і рівнянь у цифровому форматі?
81. Для чого використовується мова SMILES?
82. Які операції проводяться за допомогою програми BLASTN?
83. Який варіант BLAST використовується для вирівнювання нуклеїнових кислот?
84. Який варіант BLAST використовується для вирівнювання протеїнів?
85. Які операції проводяться за допомогою програми BLASTP?
86. Які особливості складу виявляються у структурного кора білків при вирівнюванні цільової і шаблонної структури?
87. Які підстави для передбачення трансмембранних сегментів у білку?
88. Які підходи до класифікації білкових структур у баз даних SCOP?
89. Які підходи до класифікації білкових структур у баз даних CATH?
90. Які послідовності при анотації геному відносяться до 'contents'?
91. Які послідовності при анотації геному відносяться до 'signals'?
92. Які ресурси можуть бути використані для пошуку генів певної онтології?
93. Які ще програми можуть застосовуватися для тих же цілей як RasMol?
94. Які блоки інформації містить ресурс PDB?
95. Яку інформацію містить ресурс Pfam?
96. Яку інформацію містить ресурс PROSITE?
97. Яку інформацію містить ресурс InterPro?
98. Яку інформацію можна отримати з баз даних генної онтології?
99. Яку інформацію можна отримати з бази даних OMIM?
100. Яку подібність мають гени – orthologs, а яку – paralogos?