

1. У яких основних форматах можуть бути надані послідовності білків та нуклеїнових кислот?
2. Інформацію про які молекули можуть містити файли у форматі *.fasta?
3. Інформацію про які молекули містить база даних GenBank?
4. Інформацію про які молекули містить база даних TrEMBL?
5. Які бази даних NCBI можна використовувати для завантаження послідовностей генів, мРНК та білків?
6. За що нараховують штрафи (penalties) при вирівнюванні послідовностей?
7. За що нараховують очки (scores) при вирівнюванні послідовностей?
8. У формулі розрахунку штрафів при вирівнюванні: $A+B \cdot l$ яка частина враховує саму наявність пробілу?
9. У формулі розрахунку штрафів при вирівнюванні: $A+B \cdot l$ яка частина враховує довжину пробілу?
10. Що таке у вирівнюванні gap-extension penalty?
11. Що таке у вирівнюванні gap-opening penalty?
12. *У чому особливості нарахування очок за нуклеотидні заміни (при вирівнюванні)?
13. * У чому особливості нарахування очок за амінокислотні заміни (при вирівнюванні)?
14. *Від чого залежать очки за вирівнювання амінокислот?
15. Для чого використовуються матриці PAM і BLOSSUM?
16. *Що означає вищий (більший) номер матриці PAM у порівнянні з матрицею BLOSUM?
17. *Яку матрицю амінокислотних замін краще обрати для пошуку або порівняння більш схожих послідовностей? Поясніть.
18. *За вирівнювання лейцину і ізолейцину нараховані 2 очка, а лейцину і аспарагинової кислоти менш 0. Поясніть розбіжність у очках
19. *За появу триптофану у одній і той же позиції у 2-х білків нараховані 17 очок, а наявність серіну у одній і той же позиції – тільки 2 очка. Поясніть.
20. *Поясніть основний принцип відбору найкращого вирівнювання послідовностей.
21. *Поясніть основний принцип попарного вирівнювання послідовностей.
22. *Що може бути більше 1: Р вирівнювання чи Е вирівнювання? Поясніть.
23. Великі чи малі штрафи треба підібрати при вирівнюванні при аналізі *мало* схожих послідовностей?
24. Великі чи малі штрафи треба підібрати при вирівнюванні при аналізі *дуже* схожих послідовностей?
25. Які операції проводяться за допомогою програми BLASTN?
26. Які операції проводяться за допомогою програми BLASTP?
27. Якій параметр треба налаштувати у будь-якому варіанті NCBI BLAST для обмеження пошуку гомологів серед більш схожих послідовностей?
28. *Поясніть основний принцип множинного вирівнювання послідовностей.
29. У якому форматі послідовності завантажуються для множинного вирівнювання?

30. Назвіть приклади програм для множинного вирівнювання.
31. Для чого використовуються програми ClustalW і ClustalOmega?
32. Які послідовності (білків або НК) можна вирівнювати у програмі Cobalt?
33. Назвіть 3 основні напрями використання множинного вирівнювання.
34. *Опишіть принцип методу філогенетики «maximum likelihood».
35. *Опишіть принцип методу філогенетики «maximum parsimony».
36. *Чи однакові молекули відбирають для філогенетичного аналізу дуже віддалених та близькоспоріднених організмів? Поясніть.
37. *Якщо при побудові філогенетичного дерева використовують таблиці дистанцій (відстаней), що це за дистанції (між чим відстань)?
38. Для чого використовуються таблиці відстаней (distance tables)?
39. Для чого використовуються таблиці подібності (similarity tables)?
40. Назвіть приклади програм для філогенетичного аналізу.
41. Що означають дужки у запису фрагменту філогенетичного дерева ((A,(B,C)),(D,E))?
42. Як пов'язане ультраметричне дерево з гіпотезою молекулярного годинника?
43. Яка назва формату запису філогенетичного дерева ((A,(B,C)),(D,E))?
44. Назвіть 2 евристичних алгоритми (методи), що використовуються для філогенетичного аналізу.
45. Наведіть 2 приклади переборних (глобальних) методів (алгоритмів) молекулярної філогенетики.
46. При аналізі яких геномів визначається переважно ORF?
47. Розшифруйте, що таке у аналізі послідовностей «HMM».
48. Що представляє собою «анотація геному»?
49. Які етапи необхідні для анотації геному вищих еукаріот?
50. Чому визначення ORF називають шести-рамочною трансляцією?
51. Які послідовності при анотації геному відносяться до 'contents'?
52. Які послідовності при анотації геному відносяться до 'signals'?
53. Яку інформацію містить ресурс Pfam?
54. Яку інформацію містить ресурс PROSITE?
55. Яку інформацію містить ресурс InterPro?
56. За допомогою якої програми можна отримати профілі послідовностей?
57. *У результаті множинного вирівнювання створена консенсусна послідовність з ділянкою XXSYIXA. Поясніть, що означають ці літери?
58. *У результаті множинного вирівнювання у PROSITE отримана ділянка $-[LIM]-A-x(2)-[ST]-\{P\}-$. Які висновки можна зробити про послідовності?
59. Яку інформацію можна отримати з бази даних OMIM?
60. Яку подібність мають гени – orthologs, а яку – paralog?