

AK Bioinformatik III Gedächtnisprotokoll. Klausur vom 15.02.2017

90 min Zeit. Insg 38,5 Punkte, 10 davon für Python+ Pymol

1. Python:

for und if-Schleifen

Was wird ausgegeben?

2. Python:

Kombination von Liste und Dictionary.

Was wird ausgegeben?

3. Python:

Doktorand programmiert Code, um DNA-Seq in RNA umzuschreiben. Korrigieren Sie die Fehler

4. Python:

In der o.g. DNA-Sequenz sollen nun die Basentriplets GAU und GAC gezählt werden. Schreiben Sie ein Programm.

5. Data Mining:

Datenbanksuche zu biochemischen Interaktionen bei Prostatakrebs und mögliche Targets. Welche drei Datenbanken könnten genutzt werden, was beinhalten diese und in welchem Zusammenhang stehen sie in Bezug auf die Aufgabenstellung?

6. Genexpression:

Beschreiben Sie die wichtigsten 4 Schritte zur Auswertung eines Microarray-Experiments

Wann verwenden Sie die Bonferroni- bzw. die Benjamini-Hochberg-Methode? Welche Ergebnisse erwarten Sie?

t-Test: welche Bedingungen müssen außer der Unabhängigkeit der Proben erfüllt sein, um einen t-Test durchführen zu können?

7. Pymol:

Code gezeigt. Was passiert in Zeilen so und so..?

8. Machine Learning:

Sie haben einen Algorithmus entwickelt, der bei der Suche nach HIV-Infizierten eine Sensitivität von 0,88 und eine Spezifität von 0,98 erreicht. Von 82 000 000 Menschen sind 62 000 (?) HIV-positiv

Geben sie mithilfe der Vierfeldertafel an, wie viele falsch negative und richtig negative (?) in ihrer Suche erscheinen

Stärken und Schwächen

Sie wollen einen zweiten Test durchführen, sollte der vorher oder später sein?

9. Cheminformatics:

Beschreiben Sie, wie zur Beschreibung von Ähnlichkeiten Kleinmoleküle in Bitvektoren umgeschrieben werden können

Geben Sie die Formel zu Berechnung des Tanimoto-Koeffizienten an und berechnen Sie diesen anhand eines selbstgewählten Beispiels zweier Bitvektoren

10. Epigenetik:

Nennen Sie zwei bekannte epigenetische Mechanismen und erklären sie die Auswirkungen auf die Transkription

Was ist ein CpG-Island?

11. Homologiemodellierung:

Nennen Sie die wichtigsten Schritte bei der Erstellung eines Homologiemodells

Nennen Sie einen Server, der automatisch eine Struktur aufgrund eines Homologiemodells generiert

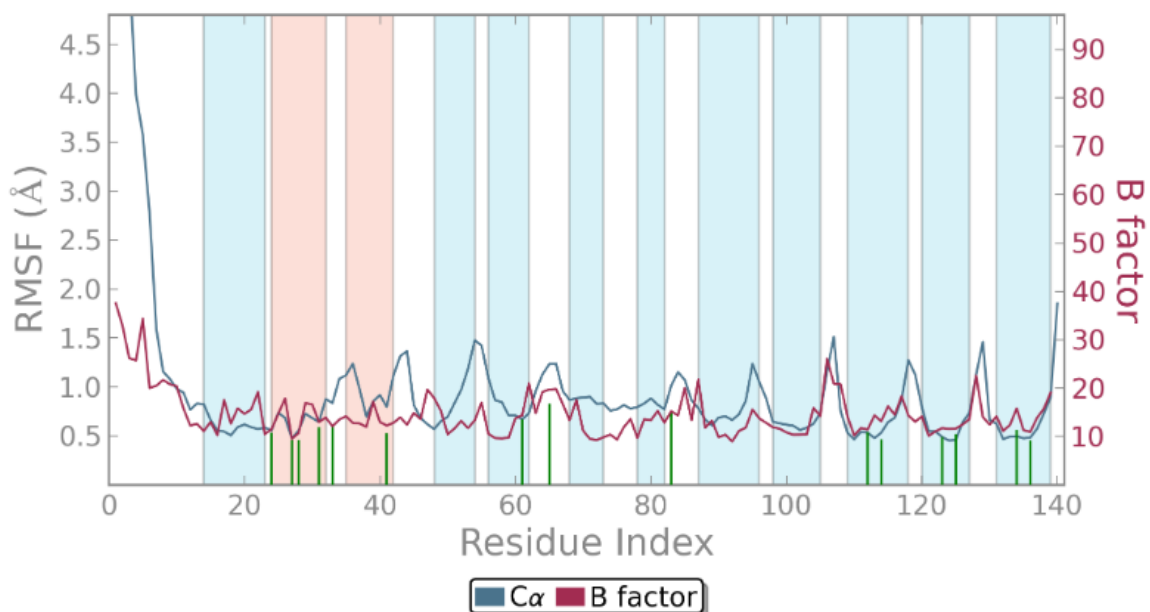
Was ist ein Ramachandran-Plot? Und wie sind Ausreißer zu bewerten?

12. Moleküldynamik:

Nennen Sie drei Beispielanwendungen

Welche Einstellungen können in Desmond vorgenommen werden? Nenn Sie mind. 2

Bewerten Sie die blaue Kurve des Diagramms:



13. FBA:

Nennen sie die 3 wichtigen Schritte zur Erstellung eines genomweiten metabolischen Modells

Erklären Sie die Begriffe objective function, constraint und flux

14. Proteine:

Warum gibt es in dem gezeigten Protein konservierte und nicht konservierte Bereiche?

(Der konservierte Bereich ist positiv geladen?) Nennen sie zwei positiv geladene Aminosäuren

Welche Funktion könnte das gezeigte Protein haben? Begründen Sie.