

## Prüfungsfragen Medizinische Informatik 2005

### Medizinische Bildverarbeitung 2, Grundlagen der Bioinformatik, Proteinstruktur und Bioinformatik Prof. Hornegger, Prof. Sticht Oktober 2005

#### Bemerkungen zu Prüfung und Prüfer

- Nebenfachprüfung
- Ergebnis: 1.0
- Sowohl Prof. Hornegger als auch Prof. Sticht sind mehr als freundlich. Die Atmosphäre gleicht einem Treffen beim Bierchen auf dem Berg. (Kein Scherz) Beide Profs prüfen das, was man weiss und nicht das, was man nicht weiss! Allerdings gehen Fragen durchaus auch mal über das Skript hinaus, wird dann aber nicht zu stark gewichtet. Außerdem erklären beide Profs während der prüfung auch sehr viel ohne dass man gefragt wird...sehr angenehm!

#### Fragen

##### Medizinische Bildverarbeitung 2

- Erklären Sie doch bitte mal welche Verfahren wir kennengelernt haben, um den Aufnahme-pfad und die Geometrie eine Szene zu rekonstruieren! -Structure from Motion erläutern( Bildchen, Formeln )
- Was ist bei der Faktorisierung zu beachten? -Nicht eindeutig
- Welcher Nachteil entsteht nach Berücksichtigung der Geometrie der Bildkoordinatensysteme -Komponenten der Matrix Q nicht linear
- Welche Möglichkeiten gibt es, dieses Problem zu linearisieren? -Tayler Expansion (Nicht im Scipt!)
- Funktioniert projektive Projektion in der Praxis gut? -Nein

- Wie nennt man das lambda in ihrer gerade aufgeschriebenen Formel? -Projective Depth
- Welches war die Vision beim Magnetic Navigation? -Halt Idee erklären, 2 Bildchen machen, Kathetar interaktiv identifizieren, Magnetfeld gemäß gewünschte Richtung ausrichten
- Erklären Sie mir bitte in den nächsten 2 Minuten die grundsätzliche Idee zur Segmentierung der Halsschlagader -Wieder nur Idee erläutern, Kurve C gesucht, die sich optimal anschmiegt: Minimiere Differenz zwischen allen Punkten innerhalb von C und dem Durchschnitts wert in C, entsprechendes für alles außerhalb liegenden Punkte

##### Proteinstruktur und Bioinformatik

- Wie kann man 3D-Proteinstrukturen vergleichen? -GAFIT, DALI, 3D-Lookup, doppelt dynamische Programmierung, Kriterium: minimale quadratische Differenz äquivalenter Atome
- Welches sind die Vor- und Nachteile dieses Verfahrens gegenüber dem Sequenzvergleich? - Vorteil: Struktur stärker konserviert - Nachteil: komplexer
- Erläutern sie doch mal die PAM Matrix! Was sagt sie aus? Wie kommen die Einträge zu stande? -Gibt für alle Aminosäuren die Neigung an, eine andere Aminosäure zu substituieren, Einträge entstehen durch log-odds-ratios (Formel herleiten)
- Wie kommt man auf die Häufigkeiten? - Auszählen von stark verwandten Proteinen
- Wieso müssen die verwandtet sein? -Sonst Modellierung falscher Substitutionshäufigkeiten
- Ist es sinnvoll immer in großen DB zu suchen? -Nein! Nachteil: dauert lange, großes Rauschen Vorteil: wahrscheinlich des enthaltens gewisser homologer Proteine größer

Damit wir auch in Zukunft aktuelle Prüfungsfragen haben, sind wir auf Deine Mithilfe angewiesen. Bitte maile uns die Fragen Deiner Prüfung, ein Formular dazu findest Du auf unserer Homepage.