

سوالات استخدامی: مقدمه ای بر بیوانفورماتیک

۱- چالش اصلی علم بیولوژی چیست؟

۱. توالی یابی DNA
۲. تبدیل ژن به پروتئین
۳. استخراج اطلاعات از مقادیر بسیار زیاد داده توالی ژنومی و ساختاری
۴. ارزیابی بهینه ساختار پروتئین با استفاده از هوش مصنوعی

۲- بر اساس تعریف ارائه شده توسط موسسه ملی سلامت، علم بیوانفورماتیک چیست؟

۱. استخراج اطلاعات از داده
۲. تحقیق، توسعه یا کاربرد ابزارهای کامپیوتری و راهکارهای مختلف در استفاده از داده های زیستی
۳. همان هوش مصنوعی است.
۴. همان شبیه سازی است.

۳- راهکار "پوینت و کلیک" در علم بیوانفورماتیک معادل کدامیک از گزینه های زیر است؟

۱. ژنومیکس
۲. پروتئومیکس
۳. مبتنی بر وب
۴. مبتنی بر خط فرمان

۴- میزبان ژن بانک کدامیک از گزینه های زیر است؟

۱. مرکز ملی اطلاعات بیوتکنولوژی
۲. موسسه بیوانفورماتیک اروپا
۳. انسمبل
۴. سایت بیوانفورماتیک ژنوم متعلق به دانشگاه کالیفرنیا در سانتاکروز

۵- بیوکنداكتور ورژن زیستی کدامیک از نرم افزارهای زیر می باشد؟

۱. پایتون
۲. R
۳. پرل
۴. لینوکس

۶- کدام سیستم عامل برای کارهای حرفه ای بیوانفورماتیک مناسب است؟

۱. ویندوز
۲. پایتون
۳. شل
۴. لینوکس

۷- کدامیک از ابزارهای زیر برای اتصال محیط خط فرمان و مبتنی بر وب قابل استفاده می باشد؟

۱. NCBI
۲. galaxy
۳. EDirect
۴. Mega

۸- بین BioMart و biomaRt چه تفاوتی هست؟

۱. هر دو از ابزارهای موجود در انسمبل می باشند.
۲. هر دو از بسته های نرم افزار R می باشند.
۳. اولی از بسته های R و دومی از ابزارهای انسمبل می باشد.
۴. اولی از ابزارهای انسمبل و دومی از بسته های R می باشد.

۹- برای یادگیری آنلاین تکنیکهای بیوانفورماتیک کدامیک از قوانین زیر اشتباه است؟

۱. برنامه ریزی
۲. سرعت اینترنت
۳. گزینش
۴. حل تمرینات

۱۰- gitHub چیست؟

۱. پایگاهی برای اشتراک گذاری کدها و برنامه ها می باشد.
۲. پایگاهی برای به اشتراک گذاری داده های بیان ژن می باشد.
۳. همان ArrayExpress می باشد.
۴. همان geo می باشد.

۱۱- مشهورترین پایگاه داده مربوط به توالیهای نوکلئوتیدی و پروتئینی کدامیک از گزینه های زیر است؟

۱. انسمبل
۲. genBank
۳. EBI
۴. DDBJ

۱۲- سردسته اصلی جریان ورودی جدید و وسیع توالی های DNA به پایگاه داده genBank کدامیک از گزینه های زیر است؟

۱. راه اندازی NCBI
۲. ظهور فناوری توالی یابی نسل بعدی
۳. راه اندازی WGS در سال ۲۰۰۲
۴. راه اندازی DDBJ در ژاپن

۱۳- در هر ماه چند گونه به ارگانیزم های موجود در genBank افزوده می شود؟

۱. ۱۰
۲. ۱۰۰
۳. ۱۰۰۰
۴. ۱۰۰۰۰

۱۴- بیشترین تعداد توالی یابی در genBank مربوط به کدامیک از ارگانیزمهای زیر است؟

۱. انسان
۲. موش
۳. گاو
۴. گوجه

۱۵- ابزار جستجوی توالی در NCBI کدامیک از گزینه های زیر است؟

۱. OMIM
۲. PubMed
۳. BLAST
۴. MMDB

۱۶- TrEMBL چه نوع داد هایی را در خود ذخیره کرده است؟

۱. ژنومی
۲. mRNA
۳. متابولیت
۴. پروتیین

۱۷- بهترین توالی نماینده برای هر رونوشت معمولی (غیرموتانت) چه نامیده می شود؟

۱. RefSeq ۲. NCBI ۳. EBI ۴. Spliced

۱۸- کدامیک از گزینه های زیر جزء مرورگرهای ژنومی نمی باشد؟

۱. مرورگر Map Viewer در NCBI ۲. مرورگر OMIM در انسمل
۳. سانتاکروز در UCSC ۴. مرورگر ژنومی انسمل

۱۹- وقتی دو توالی همولوژی دارند این معادل کدام گزینه زیر می باشد؟

۱. منشا تکاملی مشترکی دارند.
۲. خصوصیات فیزیکی آنها متفاوت است ولی خصوصیات شیمیایی مشابه است.
۳. خصوصیات شیمیایی آنها متفاوت است ولی خصوصیات فیزیکی مشابهی دارند.
۴. درصد رزیدوهای آنها مشابه است.

۲۰- اساسی ترین روش همردیف کردن توالی کدامیک از گزینه های زیر است؟

۱. روش Word ۲. ماتریس نقطه ای ۳. برنامه ریزی دینامیک ۴. همردیفی محلی

۲۱- کدامیک از گزینه های زیر جزء کاربردهای **BLAST** نمی باشد؟

۱. تعیین ارتولوگ ۲. تعیین پارالوگ
۳. تعیین توالی ۴. تعیین واریانتهای توصیف شده

۲۲- کدامیک از گزینه های زیر از اهداف همردیفی چندگانه نمی باشد؟

۱. شناسایی موتیف ۲. شناسایی الگوهای حفاظت شده
۳. شناسایی رزیدوهای اسیدآمینه ۴. شناسایی توالی اسیدآمینه یک پروتئین جدید

۲۳- منطق پشت زمینه تکنولوژی توالی یابی نسل جدید مشابه کدام تکنیک است؟

۱. توالی یابی اسیدهای آمینه موجود در یک رشته پروتئین ۲. توالی یابی الکتروفورز موئن
۳. توالی یابی نسل قدیم ۴. توالی یابی با استفاده از اسپکتروفوتومتری

۲۴- توالی یابی اگزوم جزء کدامیک از انواع توالی یابی است؟

۱. توالی یابی کل ژنوم ۲. توالی یابی RNA
۳. توالی یابی الکتروفورز موئن ۴. توالی یابی هدفمند

۲۵- با توجه به اینکه ۲۰ اسید آمینه وجود دارد، پیش بینی می شود که چند کلمه باید از این اسیدهای آمینه وجود داشته باشد؟

۱. ۶۰

۲. ۸۰۰۰

۳. ۸۰۰

۴. ۶۰۰

سوالات تشریحی

۱- موضوع اصلی علم اپی ژنتیک چیست؟

۲- زیست شناسی سامانه ای چیست؟

۳- همردیفی دو توالی DNA به چه معنا می باشد.

۴- مراحل چهارگانه BLAST را مختصرا شرح دهید؟

۵- فیلوژنتیک چیست؟

شماره سوال	پاسخ صحیح
1	ج
2	ب
3	ج
4	الف
5	ب
6	د
7	ج
8	د
9	ب
10	الف
11	ب
12	ب
13	ج
14	الف
15	ج
16	د
17	الف
18	ب
19	الف
20	ب
21	ج
22	د
23	ب
24	د
25	ب

سوالات تشریحی

۱- فصل ۱

۲- فصل ۱۳

۳- فصل ۳

۴- فصل ۴

۵- فصل ۷

۱- بیوانفورماتیک در تقابل بین کدام دو رشته ایجاد شده است؟

۱. زیست شناسی و کامپیوتر
۲. زیست شناسی و ریاضی کاربردی
۳. آمار و کامپیوتر
۴. آمار و پزشکی

۲- ژن بانک (genBank) جزئی از کدامیک از دیتابیسهای زیر می باشد؟

۱. موسسه بیوانفورماتیک اروپا
۲. انسمبل
۳. مرکز ملی اطلاعات بیوتکنولوژی
۴. سایت بیوانفورماتیک ژنوم متعلق به دانشگاه کالیفرنیا واقع در سانتا کروز

۳- کدامیک از گزینه های زیر جزء زبانهای برنامه نویسی اختصاصی مورد استفاده در بیوانفورماتیک نمی باشد؟

۱. R
۲. پایتون
۳. C
۴. پرل

۴- زبان "بش" چیست؟

۱. زبان برنامه نویسی تحت داس
۲. همان زبان C می باشد.
۳. خط فرمان لینوکس است.
۴. نام دیگر نرم افزار R می باشد.

۵- متاداده چیست؟

۱. به کل داده های توالی یابی شده ژنوم متاداده گفته می شود.
۲. اطلاعاتی خلاصه، در مورد مجموعه داده ها می باشد.
۳. همان داده های بیان ژن می باشد.
۴. نام دیگر EBI می باشد.

۶- کدامیک از گزینه های زیر پایگاه داده زیر مربوط به اروپا می باشد؟

۱. EMBL و DDBJ
۲. EMBL و EBI
۳. EMBL و NCBI
۴. NCBI و DDBJ

۷- کدامیک از گزینه های زیر برای مدلسازی مولکولی طراحی شده است؟

۱. BLAST
۲. MMDB
۳. GenBank
۴. PubMed

۸- کدامیک از گزینه های زیر در مورد genBank و RefSeq صحیح می باشد؟

۱. در هر دو به ازای هر ژن صدها شماره دستیابی وجود دارد.
۲. در هر دو به ازای هر ژن تنها یک شماره دستیابی وجود دارد.
۳. در genBank به ازای هر ژن یک شماره دستیابی و در RefSeq به ازای هر ژن صدها شماره دستیابی وجود دارد.
۴. در genBank به ازای هر ژن صدها شماره دستیابی و در RefSeq تنها یک شماره دستیابی وجود دارد.

۹- کدامیک از گزینه های زیر در پایگاه داده UniProt مشارکت ندارد؟

۱. SWISS-PROT
۲. TrEMBL
۳. PIR
۴. BLASTp

۱۰- کدامیک از گزینه های زیر جزء مرورگرهای اصلی ژنومی نمی باشد؟

۱. NCBI Map Viewer
۲. مرورگر UCSC
۳. EMBL
۴. Ensembl

۱۱- بزرگترین کتابخانه پزشکی دنیا کدامیک از گزینه های زیر می باشد؟

۱. NLM
۲. ExPASy
۳. SRS
۴. UniParc

۱۲- کدامیک از گزینه های زیر در خصوص دو اصطلاح همولوژی و شباهت دو رشته DNA صحیح می باشد؟

۱. هر دو کیفیت همردیفی دو رشته DNA را نشان می دهند.
۲. هر دو کمیت همردیفی دو رشته DNA را نشان می دهند.
۳. همولوژی کیفیت و شباهت همردیفی دو رشته DNA را نشان می دهد.
۴. همولوژی کمیت و شباهت همردیفی دو رشته DNA را نشان می دهد.

۱۳- کدامیک از گزینه های زیر در خصوص همردیفی کلی صحیح می باشد؟

۱. برای توالی های با طول متفاوت مناسب است.
۲. برای توالی های واگرا مناسب است.
۳. برای جستجوی واحدهای مشابه مثل دومین مناسب است.
۴. برای جستجوی واحدهای موتیف مناسب نیست.

۱۴- اساسی ترین روش همردیفی توالی کدامیک از گزینه های زیر است؟

۱. برنامه ریزی استاتیک
۲. ماتریس نقطه ای
۳. برنامه ریزی دینامیک
۴. WORD

۱۵- ماتریسهای جایگزینی آمینواسیدها، چه ابعادی دارند؟

۱. 4×4
۲. 10×10
۳. 20×20
۴. 4×20

۱۶- کدامیک از گزینه های زیر در مورد ماتریسهای PAM و BLOSUM صحیح می باشد؟

۱. BLOSUM از مدل تکاملی مشتق می شود.

۲. BLOSUM برخلاف PAM از مشاهدات مستقیم ساخته می شود

۳. PAM برای توالیهای واگرا واقعی تر از دیگر انواع توالی است.

۴. BLOSUM بیشتر برای بازسازی درخت فیلوژنی کاربرد دارد.

۱۷- در صورتی که توالی DNA یا پروتئین، علی رغم رعایت تمام گزینه های ممکن در تنظیمات BLAST، با هیچ داده ای در NCBI منتطبق نشود تنها راه ممکن چیست؟

۱. جستجوی پایگاههای اختصاصی

۲. کوتاه کردن رشته مورد مطالعه

۳. رفرش کردن صفحه وب

۴. همردیف کردن دستی رشته ها

۱۸- عیب روش همردیفی تصاعدی در مقایسات توالی چیست؟

۱. تنها برای توالیهای نوکلئوتیدی مناسب است.

۲. برای مقایسه توالیهای با طول متفاوت مناسب نیست.

۳. تنها برای توالیهای پروتئینی مناسب است.

۴. تنها برای توالیهای پروتئینی یا نوکلئوتیدی کوتاه مناسب است.

۱۹- کدامیک از گزینه های زیر در مورد همردیفی بلوکی و همردیفی تکراری صحیح می باشد؟

۱. هر دو تکنیک از نوع همردیفی کلی می باشند.

۲. هر دو تکنیک از نوع همردیفی محلی می باشند.

۳. بلوکی از نوع کلی و تکراری از نوع محلی است.

۴. بلوکی از نوع جزئی و تکراری از نوع کلی می باشد.

۲۰- از نظر بیولوژی، نیروی محرکه تکامل چیست؟

۱. انتخاب و اصلاح طبیعی

۲. همولوژی بین ژنومها

۳. شباهت بین ژنومها

۴. شباهت بین پروتئینها

۲۱- گروه مونوفیلتیک معادل کدامیک از اصطلاحات زیر می باشد؟

۱. تاکسون

۲. CLADE

۳. Lincage

۴. توپولوژی

۲۲- کدامیک از گزینه های زیر در مورد نوکلئوزوم صحیح می باشد؟

۱. همان رشته DNA تک رشته ای است که به دور هیستون پیچیده شده است.
۲. هسته هر نوکلئوزوم از ۸ مولکول هیستون تشکیل شده است.
۳. ساختار هیستون در نوکلئوزوم طی تکامل تغییرات زیادی داشته است.
۴. هیستونهای موجود در هسته نوکلئوزوم باهم کاملاً غیرمشابه می باشند.

۲۳- توالی یابی متیلاسیون در کدامیک از حوزه های زیر کاربرد دارد؟

۱. ژنومیکس
۲. ترانسکریپتومیکس
۳. اپی ژنومیکس
۴. پروتئومیکس

۲۴- دو پایگاه عمومی داده های ریزآرایه (بیان ژن) کدامیک از گزینه های زیر می باشند؟

۱. ArrayExpress و genBank
۲. UniProt و ExPASy
۳. ArrayExpress و gco
۴. UniProt و gco

۲۵- ژنتیک معکوس از راهکارهای کدامیک از علوم زیر می باشد؟

۱. توالی یابی نسل جدید
۲. ژنومیکس عملکردی
۳. اپی ژنتیک
۴. ترسیم درخت فیلوژنتیک

سوالات تشریحی

۱- سه دیدگاه علم بیوانفورماتیک را نام برده و کمی شرح دهید.

۲- وجه تمایز بیوانفورماتیک با دیگر شاخه های انفورماتیک همچون انفورماتیک سلامت عمومی چیست؟

۳- هدف اصلی فیلوژنتیک مولکولی و ارتباط آن با توپولوژی درخت فیلوژنی چیست؟

۴- Bootstrapping در طراحی درخت فیلوژنتیک چه کاربردی دارد؟

۵- خوانش جفتی یا دوطرفه در توالی یابی نسل جدید چیست؟

شماره سوال	پاسخ صحیح
1	الف
2	ج
3	ج
4	ج
5	ب
6	ب
7	ب
8	د
9	د
10	ج
11	الف
12	ج
13	د
14	ب
15	ج
16	ب
17	الف
18	ب
19	د
20	الف
21	ب
22	ب
23	ج
24	ج
25	ب

سوالات تشریحی

۱- فصل 1

۲- صفحه 20

۳- صفحه 173

۴- صفحه 214

۵- صفحه 232

۱- چالش اصلی علم بیولوژی چیست؟

۱. تولید پروتئین از ژن و کنترل بیان ژن با استفاده از ماکرومولکولها

۲. کنترل فعالیت آنزیمهای مضر

۳. استخراج اطلاعات از مقادیر بسیار زیاد داده توالی ژنومی و ساختاری

۴. تبدیل اسید ریبونوکلئیک به اسید داکسی ریبونوکلئیک

۲- مدلسازی ریاضی و تکنیکهای شبیه سازی جزء کدامیک از شاخه های علوم زیستی می باشد.

۱. بیوانفورماتیک

۲. بیولوژی مولکولی

۳. بیولوژی سلولی

۴. بیولوژی محاسباتی

۳- ژنومیکس با کدامیک از ماکرومولکولهای زیر سر و کار دارد؟

۱. DNA

۲. RNA

۳. Protein

۴. Enzyme

۴- سه دیدگاه بیوانفورماتیک کدامیک از گزینه های زیر می باشد؟

۱. DNA و RNA و Protein

۲. مولکول، سلول و ارگانیسم

۳. سلول، ارگانیسم و درخت زندگی

۴. DNA و سلول و درخت زندگی

۵- کدامیک از ابزارهای بیوانفورماتیک برای تحلیل حجم بالایی از داده ها مناسبتر است؟

۱. مبتنی بر وب

۲. مبتنی بر خط فرمان

۳. ابزارهای مبتنی بر کلیک

۴. ابزارهای پوینت

۶- بیشتر برنامه های خطر فرمان علم بیوانفورماتیک با کدامیک از سیستم عامل ها سازگارتر می باشند؟

۱. لینوکس و ویندوز

۲. لینوکس و اندروید

۳. اندروید و ویندوز

۴. لینوکس و مک

۷- کدامیک از زبانهای برنامه نویسی در بیوانفورماتیک کاربرد کمی دارد؟

۱. R

۲. پرل

۳. C

۴. پایتون

۸- Cygwin چیست؟

۱. شبیه ساز لینوکس در ویندوز

۲. شبیه ساز لینوکس در مک

۳. شبیه ساز مک در لینوکس

۴. بسته ای در R

۹- مشهورترین پایگاه داده مربوط به توالیهای نوکلئوتیدی و پروتئینی کدامیک از گزینه های زیر است؟

۱. genBank

۲. INSDC

۳. DDBJ

۴. EBI

۱۰- برای آن دسته از داده های توالی یابی ژنومی که هنوز به اتمام نرسیده اند کدام بخش از دیتابیس راه اندازی شد؟

۱. HTGS ۲. DDBJ ۳. NCBI ۴. YAC/BAC

۱۱- OMIM چه نوع داده هایی را در خود نگهداری می کند؟

۱. ساختار پروتئینهای موش ۲. فهرستی از ژنها و بیماریهای ژنتیکی انسان
۳. اطلاعات تحقیقات ژنومیکس انجام شده در کشور ژاپن ۴. ابزاری برای جستجوی همردیفی محلی می باشد

۱۲- دو مخزن اصلی و جهانی داده های بیان ژن کدامیک از گزینه های زیر می باشند؟

۱. geo و ArrayExpress ۲. NCBI و geo
۳. NCBI و geo ۴. NCBI و EBI

۱۳- متمرکزترین کاتالوگ توالی پروتئینی کدامیک از گزینه های زیر می باشد؟

۱. SWISS-PROT ۲. UniProt ۳. TrEMBL ۴. NCBI

۱۴- کدامیک از گزینه های زیر در مورد شباهت توالی صحیح می باشد؟

۱. وقتی دو توالی شبیه هم باشند یعنی دارای یک منشا تکاملی مشترک می باشند.
۲. مفهوم شباهت دو توالی فقط در مورد شباهت خصوصیات فیزیکی صدق می کند.
۳. مفهوم شباهت دو توالی در شباهت خصوصیات فیزیکی و شیمیایی صدق می کند.
۴. شباهت و همولوژی دو توالی با هم مترادف می باشند.

۱۵- دخول یا حذف شدگی در توالی ها با کدامیک از تکنیک های زیر لحاظ می شود؟

۱. برنامه ریزی دینامیک ۲. Matrix Plot ۳. گپ ۴. EMBOSS

۱۶- ابزار جستجوی اصلی همردیفی محلی در کدام برنامه، توالی نوکلئوتیدی مورد نظر را در همه قالبهای خوانش، در یک پایگاه توالی پروتئینی جستجو می کند؟

۱. BLASTx ۲. BLASTn ۳. BLASTp ۴. BLASTnp

۱۷- با توجه به اینکه تعداد اسیدهای آمینه ۲۰ می باشد، چند کلمه سه حرفی امکانپذیر است؟

۱. 60 ۲. 17 ۳. 8000 ۴. 400

۱۸- کدامیک از گزینه های زیر صحیح می باشد؟

۱. همه پروتئینهای همولوگ باید در همه بخشهای اصلی توالی، شباهت کامل با هم باشند.

۲. پروتئینهای همولوگ هم باید ساختمان سه بعدی یکسانی داشته باشند و هم باید هنگام همردیفی شباهت ظاهری کامل داشته باشند.

۳. در جستجوی BLAST نمی توان ماتریس امتیازدهی را به گونه ای تنظیم کرد که پروتئینهای خویشاوند دور مشخص شوند.

۴. PSI-BLAST نوع تخصص یافته ای از جستجوی BLAST می باشد که اغلب نسبت به جستجوی BLAST حساس تر می باشد.

۱۹- منطق پشت زمینه تکنولوژی ngs مشابه کدامیک از گزینه های زیر است؟

۱. توالی یابی الکتروفورز موئین

۲. توالی یابی کروماتوگرافی

۳. توالی یابی پروژۀ ژنوم انسان

۴. توالی یابی ngs کاملاً تکنولوژی جدید دارد و مشابه هیچ روشی دیگری نیست

۲۰- کدامیک از گزینه های زیر از مزایای همردیفی چندگانه نمی باشد؟

۱. برای شناسایی موتیفهای حفاظت شده در کل خانواده توالی مفید است.

۲. رزیدوهای اسیدآمینه حفظ شده و حساس از نظر عملکردی، قابل چشم پوشی می باشند.

۳. برای انجام تحلیلهای فیلوژنتیکی مناسب می باشد.

۴. برای طراحی پرایمرهای چندحالتی واکنش زنجیره ای پلیمراز کاربرد دارد.

۲۱- خرد کردن DNA مربوط به کدام مرحله از گردش کار ایلومینا می باشد؟

۱. تولید کلاستر ۲. آماده سازی کتابخانه ۳. توالی یابی ۴. آنالیز داده ها

۲۲- اصلی ترین تفاوت بین روشهای ngs کدامیک از گزینه های زیر است؟

۱. دستگاه مورد استفاده ۲. نحوه نمونه گیری

۳. آنالیز داده ها ۴. توالی مرجع مورد استفاده

۲۳- کدامیک از گزینه های زیر در خصوص توالی یابی اگزوم در انسان صحیح می باشد؟

۱. شامل توالی یابی نواحی تکراری ژنوم می باشد ۲. شامل توالی یابی نواحی تنظیمی ژنوم می باشد.

۳. شامل توالی یابی ژنها بدون احتساب اینترونها می باشد. ۴. شامل توالی یابی کامل ژنوم انسان می باشد.

۲۴- تفاوت توالی یابی یک سکانس جدید با روشهای دیگر توالی یابی ngs در کدامیک از گزینه های زیر است؟

۱. در توالی یابی جدید باید تنها ژنها را توالی یابی کنیم.
۲. در توالی یابی جدید باید تنها از بافت مغز نمونه گیری کنیم.
۳. در توالی یابی جدید ما توالی مرجع نداریم.
۴. در توالی یابی جدید مرحله آنالیز داده ها حذف می شود.

۲۵- کدامیک از گزینه های زیر در مورد اینترولوگ صحیح می باشد؟

۱. به همولوگهای یک جفت پروتئین از یک پروتئوم واحد، که با هم بر همکنش دارند، گفته می شود.
۲. به خطای ناشی از تهیه کتابخانه ژنومی گفته می شود.
۳. نرم افزار مناسب برای ارزیابی ساختاری پروتئینها می باشد.
۴. به ژنهایی که در همردیفی جفتی کاملاً یکسان باشند، گفته می شود.

سوالات تشریحی

۱- اپی ژنتیک را توصیف کنید.

۲- تشابه و یکسان بودن توالی نوکلئوتیدی را تعریف کنید. این دو مفهوم در مورد توالی پروتئینی چه تفاوتهایی دارند.

۳- Pattern-Hit Initiated BLAST که بصورت اختصار PHI-BLAST نگارش می شود را بصورت مختصر توصیف کنید.

۴- فیلوژنتیک را تعریف کنید. تفاوت فیلوژنی ژنی و فیلوژنی گونه چیست؟

۵- نوکلئوزوم چیست؟ چه ارتباطی از نظر ساختاری با کروماتین دارد؟

نمبر سوال	جواب صحيح
1	ج
2	د
3	الف
4	ج
5	ب
6	د
7	ج
8	الف
9	الف
10	الف
11	ب
12	الف
13	ب
14	ج
15	ج
16	الف
17	ج
18	د
19	الف
20	ب
21	ب
22	ب
23	ج
24	ج
25	الف

سوالات تشریحی

۱- فصل 1

۲- فصل 3

۳- فصل 5

۴- فصل 7

۵- فصل 8

۱- چالش اصلی علم بیوانفورماتیک کدامیک از گزینه های زیر می باشد؟

۱. استخراج اطلاعات از حجم بزرگی از داده های زیستی
۲. تهیه و راه اندازه پایگاه داده زیستی
۳. ابداع الگوریتم شناسایی ژن
۴. ایجاد ارتباط بین دو علم بیولوژی و کامپیوتر

۲- کدامیک از گزینه های زیر جزء زبانهای برنامه نویسی بیوانفورماتیک نمی باشد؟

۱. R
۲. Python
۳. Ruby
۴. Pearl

۳- خط فرمان سیستم عامل لینوکس چه نامیده می شود؟

۱. BASH
۲. R
۳. BioPython
۴. Biostring

۴- تغییراتی در ترکیب شیمیایی و ساختار فضایی ژنوم که باعث تغییر در الگوی بیان ژنها می شود چه نام دارد؟

۱. توالی نسل جدید
۲. RNA-seq
۳. اپی ژنتیک
۴. اسید ریبونوکئیک

۵- به طور میانگین به ازای هر ژن انسان چه تعداد EST در GenBank وجود دارد؟

۱. 22000
۲. 1.8
۳. 8.1
۴. 300

۶- معروفترین توالی های DNA و پروتئین در کدامیک از پایگاه داده زیر در دسترس عموم می باشد؟

۱. GenBank
۲. EBI
۳. DDBJ
۴. Biopython

۷- کدامیک از گزینه های زیر کروموزوم مصنوعی باکتری می باشد؟

۱. BAC
۲. YAC
۳. RBP
۴. بتا-گلوبین

۸- در کدامیک از نرم افزارهای زیر از الگوریتم Smith-Waterman استفاده نشده است.

۱. SIM
۲. GAP
۳. SSEARCH
۴. LALIGN

۹- ابزار اصلی همردیفی محلی در NCBI کدامیک از گزینه های زیر می باشد؟

۱. BLAST
۲. BLOSSUM
۳. PAM
۴. Gumble

۱۰- برای جلوگیری از انحراف PSI-BLAST مقدار مورد انتظار بهتر است چه مقداری باشد؟

۱. نباید مقدار مورد انتظار را از مقدار پیش فرض تغییر داد.
۲. باید مقدار مورد انتظار را از مقدار پیش فرض کمتر در نظر گرفت.
۳. باید مقدار مورد انتظار را از مقدار پیش فرض بیشتر در نظر گرفت.
۴. جلوگیری از انحراف PSI-BLAST به مقدار مورد انتظار بستگی ندارد.

۱۱- عملکرد نرم افزار DCA کدامیک از گزینه های زیر است؟

۱. همردیفی چندگانه
۲. همردیفی دوگانه محلی
۳. همردیفی دوگانه کلی
۴. تهیه ماتریس BLOSUM

۱۲- کدامیک از گزینه های زیر جزء الگوریتمهای ابتکاری نمی باشد؟

۱. همردیفی های تصاعدی
۲. همردیفی های تکراری
۳. همردیفی های بلوکی
۴. همردیفی های دوگانه

۱۳- معروفترین برنامه همردیفی تصاعدی کدامیک از گزینه های زیر می باشد؟

۱. CLUSTAL
۲. T-COFFEE
۳. BIOEDIT
۴. ReadSeq

۱۴- نیروی محرک تکامل کدامیک از گزینه های زیر است؟

۱. انتخاب طبیعی
۲. ژنوم
۳. پروفایل پروتئین
۴. همردیفی توالیها

۱۵- در فیلوگرام طول شاخه ها نشانه چیست؟

۱. نشانه تعداد جد مشترک است.
۲. نشانه تعداد فرزندان است.
۳. نشانه مقدار واگرایی است.
۴. نشانه معنی دار بودن هم نسل بودن ژنهاست.

۱۶- ترسیم درخت فیلوژنی چند مرحله دارد؟

۱. ۱
۲. ۵
۳. ۳
۴. ۷

۱۷- کارآمدترین روش آماری ارزیابی درخت فیلوژنی کدامیک از گزینه های زیر است؟

۱. Bootstrapping
۲. Jackknifing
۳. بیزی
۴. الگوریتم ژنتیک

۱۸- کدامیک از نرم افزارهای زیر مربوط به ترسیم درخت فیلوژنتیک نمی باشد؟

۱. PAUP
۲. CYGWIN
۳. PHYML
۴. THREE-PUZZLE

۱۹- گردش کار NGS در ایلومینا چند مرحله دارد؟

۱. ۱
۲. ۲
۳. ۳
۴. ۴

۲۰- کدامیک از گزینه های زیر در مجموعه ترانسکریپتومیکس قرار نمی گیرد؟

۱. smallRNA
۲. mRNA
۳. Exome
۴. microRNA

۲۱- محبوبترین نرم افزار رایگان آنالیز داده های ریزآرایه کدامیک از گزینه های زیر می باشد؟

۱. BioConductor ۲. BioDiversity ۳. MAS 5.0 ۴. Microsoft Excel

۲۲- نرم افزارهای SignalP و TargetP به ترتیب چه وظیفه ای را برعهده دارند؟

۱. هر دو وظیفه مکان یابی پروتئین را برعهده دارند.
۲. هر دو در همردیفی دوگانه ژنوم نقش دارند.
۳. هر دو در همردیفی چندگانه ژنوم نقش دارند.
۴. اولی همردیفی دوگانه و دومی همردیفی چندگانه را اجرا می کند.

۲۳- در آنالیزهای فیلوژنتیک همبستگی بین دو پروتئین چند درصد باشد تا نشانه ای قوی از برهمکنش پروتئینها باشد؟

۱. بیش از ۱۰ درصد
۲. بیش از ۸۰ درصد
۳. حتما باید همبستگی کامل و ۱۰۰ درصد باشد.
۴. بیش از ۵۰ درصد

۲۴- از بین ارگانیس‌م‌های زیر کدام موجود بعنوان مدل تحقیقاتی مورد استفاده قرار نمی گیرد؟

۱. Escherichia coli ۲. Saccharomyces cerevisiae
۳. Homo Sapiens ۴. Mus musculus

۲۵- مدلهای با مقیاس کوچک در بیولوژی سیستمها، از چه تعداد متغیر تشکیل شده اند؟

۱. 1-3 ۲. 3-5 ۳. 1-2 ۴. 2-10

سوالات تشریحی

۱- دو ابزار BioMart و BiomaRt چه تفاوتی با هم دارند؟

۲- شباهت و تفاوت دو ابزار T-Coffee و Clustal در همردیفی چیست؟

۳- فیلوژنتیک و فیلوژنی را تعریف کنید.

۴- تکنیک Bootstrapping در آنالیز فیلوژنتیک چیست؟ چند نوع است؟

۵- ابزار مبتنی بر وب DiANNA چه وظیفه ای بر عهده دارد.

نمبر رد سوال	ياسخ صحیح
1	الف
2	ج
3	الف
4	ج
5	د
6	الف
7	الف
8	ب
9	الف
10	ب
11	الف
12	د
13	الف
14	الف
15	ج
16	ب
17	ج
18	ب
19	د
20	ج
21	الف
22	الف
23	ب
24	ج
25	د

سوالات تشریحی

- ۱- هر دو ابزارهای اتصال وب و خط فرمان می باشند که BioMart در پایگاه داده انسمبل و دومی پکیچی در نرم افزار R می باشد.
- ۲- هر دو نرم افزار وظیفه همردیفی تصاعدی را بر عهده دارند ولی اولی هر دو همردیفی کلی و جزئی را برای کلیه جفت توالیهای ممکن اجرا می کند در صورتی که دومی این روش را ندارد.
- ۳- فیلوژنتیک مطالعه ی تاریخ تکاملی ارگانسیم های زنده با استفاده از دیاگرام های مشابه درخت است تا شجره نامه ی این ارگانسیم ها نمایش داده شوند.
- الگوهاي شاخه اي درخت که نشان دهنده ي انشعابات تکاملی است، فیلوژنی نامیده می شود.
- ۴- يك تکنیک آماری است که اشتباهات نمونه گیری درخت فیلوژنتیک را آزمون می کند
- دو نوع است: پارامتریک و غیرپارامتریک
- ۵- این ابزار مبتنی بر وب وظیفه آنالیزهای پروتئومیکس را داشته و توزیع پیوندهای دی سولفیدی را در رشته پروتئین مورد مطالعه مشخص می کند.

۱- علم بیوانفورماتیک در تقابل بین پیشرفتهای کدام یک از علوم زیر شکل گرفته است؟

۱. زیست شناسی مولکولی و کامپیوتر
۲. زیست شناسی سلولی و آمار
۳. آمار و کامپیوتر
۴. کامپیوتر و فیزیک

۲- تعیین و تجزیه و تحلیل توالی کامل DNA یک ارگانیسم چه نامیده می شود؟

۱. ژنوم
۲. پروتئوم
۳. ژنومیکس
۴. پروتئومیکس

۳- یکی از درسهای حاصل از پایگاههای داده اشتراک حیات در چه سطحی از گزینه های زیر است؟

۱. مولکولی
۲. سلولی
۳. ارگانیسم
۴. ماده

۴- خط فرمان سیستم عامل لینوکس چه نام دارد؟

۱. داس
۲. بش
۳. مک
۴. ویندوز

۵- برای اتصال پایگاه داده مبتنی بر وب در NCBI با خط فرمان کدامیک از ابزارهای زیر فراهم شده است؟

۱. انسمل
۲. galaxy
۳. Mega
۴. EDirect

۶- یادگیری آنلاین یک زبان برنامه نویسی در علم بیوانفورماتیک شامل چند قانون می باشد؟

۱. ۳
۲. ۵
۳. ۷
۴. ۱۰

۷- به مجموعه ای از چندین تکنیک که طی آنها ترتیب بازهای بخشی یا کل ژنوم مشخص می شود چه می گویند؟

۱. اپی ژنتیک
۲. بیان ژن
۳. توالی یابی
۴. اسید ریبونوکلیک

۸- هم اکنون GenBank حاوی چه تعداد نوکلئوتید می باشد؟

۱. ۱۰۰ میلیون
۲. ۱۰ میلیون
۳. ۱۰۰ میلیارد
۴. ۱۰ میلیارد

۹- کدامیک از داده های زیر برای نقشه یابی بر روی ژنوم استفاده می شود؟

۱. STS
۲. GSS
۳. PCR
۴. cDNA

۱۰- NCBI خود شامل چند بخش می باشد؟

۱. ۳
۲. ۵
۳. ۷
۴. ۱۰

۱۱- کدامیک از پایگاه داده های زیر مربوط به بیان ژن است؟

۱. EMBL
۲. ArrayExpress
۳. SWISS-PROT
۴. TrEMBL

۱۲- بهترین پایگاه داده تفسیر شده پروتئینی کدام است؟

۱. TrEMBL ۲. PIR ۳. SWISS-PROT ۴. UniProtKB

۱۳- بزرگترین کتابخانه پزشکی دنیا کدام است؟

۱. NLM ۲. ExPASy ۳. NCBI ۴. UniProt

۱۴- هدف کلی همردیف کردن دوگانه توالی ها چیست؟

۱. همولوژی توالی
۲. یافتن بهترین جفت شدگی برای دو توالی
۳. تکامل همردیفی
۴. سامانه بازیابی توالی

۱۵- اساسی ترین روش همردیف کردن توالی کدام است؟

۱. برنامه ریزی دینامیک ۲. ماتریس نقطه ای ۳. روش WORD ۴. روش LOCAL

۱۶- الگوریتم کلاسیک همردیف کردن کلی دوگانه توالی ها با استفاده از برنامه ریزی دینامیک کدامیک از گزینه های زیر است؟

۱. GAP Penalty ۲. Matrix PLOT ۳. Needleman-Wunsch ۴. Smith-Waterman

۱۷- کدامیک از گزینه های زیر جزء ماتریس های نمره دهی تجربی نمی باشد؟

۱. PAM ۲. BLOSUM ۳. Dayhoff ۴. LALIGN

۱۸- کدامیک از گزینه های زیر در مورد ماتریس های PAM و BLOSUM صحیح می باشد؟

۱. PAM یک مدل تکاملی است ولی BLOSUM از مشاهدات کاملاً مستقیم ساخته می شود.
۲. BLOSUM یک مدل تکاملی است ولی PAM از مشاهدات کاملاً مستقیم ساخته می شود.
۳. هر دو مدل های تکاملی می باشند.
۴. هر دو بر اساس مشاهدات کاملاً مستقیم ساخته می شوند.

۱۹- جستجوی BLAST در چند مرحله انجام می شود؟

۱. ۱ ۲. ۲ ۳. ۳ ۴. ۴

۲۰- کدامیک از الگوریتم های زیر از نوع الگوریتم های ابتکاری نمی باشند؟

۱. همردیفی دینامیک ۲. همردیفی تصاعدی ۳. همردیفی تکراری ۴. همردیفی بلوکی

۲۱- در توالی های بسیار واگرا که تشابهات منطقه ای مشترک دارند، کدام روش همردیفی مناسب است؟

۱. همردیفی تکراری
۲. همردیفی تصادفی
۳. همردیفی بلوکی
۴. همردیفی Clustal

۲۲- در درخت فیلوژنی جایی که دو شاخه مجاور به هم متصل می شوند چه نامیده می شود؟

۱. جد مشترک
۲. جد استنباط شده
۳. گره
۴. Taxon

۲۳- در نوکلئوزوم ها، پروتئین هایی که ژنوم به دور آنها پیچیده شده اند چه نامیده می شوند؟

۱. DNA تک رشته ای
۲. DNA دو رشته ای
۳. هیستون
۴. نوکلئوتید

۲۴- کدامیک از گزینه های زیر از کاربردهای NGS نمی باشد؟

۱. توالی یابی کل ژنوم
۲. توالی یابی ژنهای هدف
۳. توالی یابی پروتئین ها
۴. توالی یابی ۱۶S

۲۵- ژن الکتروفورز تمایزی به چه منظوری استفاده می شود؟

۱. تشخیص بیماری
۲. اختلاف در الگوی بیان پروتئین ها
۳. اختلاف در تعداد ژن های دو ارگانیسم
۴. استخراج داده های ریزآرایه

سوالات تشریحی

۱- ژنومیکس عملکردی را تعریف کنید؟

۲- سه دیدگاه علم بیوانفورماتیک را نام برده و مختصر شرح دهید؟

۳- در قلمرو علم بیوانفورماتیک، قابل تکرار بودن به چه معنی است؟

۴- پایگاه داده HomoloGene چه وظیفه ای دارد؟

۵- سه پایگاه داده اصلی زیرمجموعه UniProt را نام ببرید؟

شماره سوال	پاسخ صحیح
1	الف
2	ج
3	الف
4	ب
5	د
6	د
7	ج
8	ج
9	الف
10	ج
11	ب
12	ج
13	الف
14	ب
15	ب
16	ج
17	د
18	الف
19	د
20	الف
21	ج
22	ج
23	ج
24	ج
25	ب