

تعداد سوالات: تستی: ۲۵ تشریحی:
زمان آزمون (دقیقه): تستی: ۵۰ تشریحی:
کد سری سوال: یک - ۱

نام درس: کاربرد کامپیوتر در بیوتکنولوژی
رشته تحصیلی/ کد درس: مهندسی بیوتکنولوژی کشاورزی (۱۱_۱۵_۲۱۶)
آزمون: نیمسال دوم ۹۰-۸۹

WWW.PNUEBOOK.IR

۱. کدام یک از موارد زیر در بوجود آمدن علم بیوانفورماتیک کمتر موثر بوده است؟
 - الف نیاز به ذخیره، تجزیه و تحلیل اصلاحات ژنوم و پروتئین
 - ب کشت بافت و ریزازدیادی
 - ج توالی یابی پروتئین
 - د پیشرفت زیست مولکولی و توالی یابی ژنوم
۲. کدامیک از داده های زیر در حوزه علم بیوانفورماتیک نیست؟
 - الف پروفایل های بیان ژن و مسیرهای متابولیکی
 - ب تنوع سوماکلونال، دابل هاپلوئیدی و کاربرد نشانگرها
 - ج ساختارهای پروتئینی
 - د توالی اسیدهای نوکلئیک و پروتئین
۳. کدامیک از موارد زیر جزو پایگاه های مهم اطلاعاتی اولیه توالی اسیدهای نوکلئیک شناخته نمی شود؟
 - الف Gene Index در هلند
 - ب Gene Bank در NCBI در آمریکا
 - ج DDBJ در ژاپن
 - د EMBL در اروپا
۴. کدام گزینه از حوزه های عمل علم بیوانفورماتیک خارج است؟
 - الف تجزیه و تحلیل های عملکردی مانند پیش بینی اثرات متقابل پروتئین-پروتئین
 - ب تجزیه ساختاری مانند تجزیه ساختار اسید نوکلئیک و پروتئین
 - ج تجزیه توالیهای مولکولی مانند هم رده بودی توالی ها
 - د نوترکیبی، کلونینگ و حفاظت در شرایط انجماد
۵. در پایگاه اطلاعات منابعی جستجوی چه گزینه ای را نباید انتظار داشت
 - الف جستجوی ژن ها و ناهنجاریها
 - ب جستجوی مقالات
 - ج جستجوی نوکلئوتید
 - د جستجوی کتاب
۶. کدام گزینه از پایگاه های اطلاعات مربوط به ژن ها و ناهنجاری های ژنتیکی است؟
 - الف OMIM و PubMed
 - ب MeSH
 - ج MEDLINE
۷. اگر محققی بدنیال اطلاعاتی که در برگیرنده توالی نوکلئوتید، توالی پروتئین، اطلاعات ساختاری، اطلاعات رده بندی، آطلاعات ژن ها و اطلاعات تظاهر ژن باشد باید در کدام پایگاه اطلاعاتی زیر بدنیال آن بگردد؟
 - الف پایگاه اطلاعات ترانسکرپتوم
 - ب پایگاه اطلاعات منابعی
 - ج پایگاه های اطلاعات مولکولی
۸. مجموعه ای از توالی های جامع و غیر تکراری RNA, DNA و محصولات پروتئینی موجودات را در کدام کلکسیون می توان یافت؟

الف PubMed	ب Sciencedirect	ج کتابخانه NLM	د RefSeq
۹. کدام جمله در خصوص ردیف تظاهر برچسب دار (EST) غلط می باشد؟
 - الف توالی یابی EST حداقل بخشی از توالی یابی بیشتر mRNA های موجود در بافت های مختلف است
 - ب این توالی یابی برای تهیه کتابخانه cDNA استفاده می شود
 - ج EST ها به فور به عنوان منبع اطلاعات برای کشف ژن های جدید استفاده می شود
 - د توالی یابی EST بخشی از توالی یابی cDNA موجود در ژنوم سیتوپلاسمی است

تعداد سوالات: تستی: ۲۵ تشریحی:
زمان آزمون (دقیقه): تستی: ۵۰ تشریحی:
کد سری سوال: یک - ۱

نام درس: کاربرد کامپیوتر در بیوتکنولوژی
رشته تحصیلی/ کد درس: مهندسی بیوتکنولوژی کشاورزی (۱۱_۱۵_۲۱۶)
آزمون: نیمسال دوم ۹۰-۸۹

WWW.PNUEBOOK.IR

۱۰. کدام گزینه توالی های پیمایش ژنوم یا GSS را به خوبی نشان نمی دهد؟

الف توالی های آن منشا RNA دارند

ب توالی های کروموزوم مصنوعی مخمر را در بر دارد

ج توالی های آن به جای منشا DNA منشا ژنومی دارد

د توالی های مربوط به ناقل های کاسمیدی و کروموزوم مصنوعی را در بر دارد

۱۱. کدام گزینه حاوی معروفترین توالی های مخزنی پروتئین در پایگاه اطلاعاتی NCBI است؟

الف NMR
ب GenePept
ج Uniport
د curated

۱۲. کدام پایگاه حاوی اطلاعات ساختاری چون ساختار سه بعدی و ترکیبات شیمیایی مولکولهای حیاتی نیست؟

الف Swiss-Port

ب پایگاه اطلاعات پروتئینی PDB

ج پایگاه اطلاعات ترکیبات شیمیایی PubChem

د پایگاه مدل مولکولی MMDB

۱۳. کدامیک از مشخصات BLAST است؟

الف برنامه ای برای مقایسه توالی DNA و پروتئین با توالی های دیگر در همه پایگاه ها

ب دامنه وسیعی از اطلاعات در باره ژن ها و موجودات

ج ابزار جستجوی STS ها در توالی DNA

د امکان جستجوی دامنه های حفظ شده در یک پروتئین

۱۴. برای همدیفی یک یا بیش از یک توالی mRNA با یک توالی ژنومی و تعییت ساختار اگزون/اینtron از کدام برنامه استفاده می شود؟

الف Spidey
ب VAST search
ج PCR الکترونیکی
د BLAST

۱۵. کدام جمله صحیح است؟

الف اطلاعات مراکز توالی های DNA روزانه با هم مبادله می شود

ب توسط GeneBank پایه گذاری شده است

ج پایگاه های اطلاعاتی پروتئین نسبت به پایگاه های اطلاعاتی اسید نوکلئیک از قدمت بیشتری برخوردار هستند

د پایگاه های اطلاعاتی اسید نوکلئیک نسبت به پایگاه های اطلاعاتی پروتئین از قدمت بیشتری برخوردار هستند

۱۶. کدام گزینه در خصوص پایگاه های NCBI و EBI صحیح می باشد

الف معروفترین و کاربردی ترین ابزارهای جستجو، Enterz از NCBI و SRS از EBI است

ب Entrez یک پایگاه اطلاعاتی است نه یک ابزار جستجو

ج Enterz ستون فقرات مرکز اطلاعاتی EBI است

د SRS مهمترین ابزار پایگاه اطلاعاتی NCBI است

۱۷. اگر محصول پروتئینی یک ژن خاص را بخواهیم پیدا کنیم در کدام پایگاه اطلاعاتی باید دنبال آن بگردیم؟

الف PIR
ب PubMed
ج PDP
د Map viewer

تعداد سوالات: تستی: ۲۵ تشریحی:
زمان آزمون (دقیقه): تستی: ۵۰ تشریحی:
کد سری سوال: یک - ۱

نام درس: کاربرد کامپیوتر در بیوتکنولوژی
رشته تحصیلی/ کد درس: مهندسی بیوتکنولوژی کشاورزی (۱۱_۱۵_۲۱۶)
آزمون: نیمسال دوم ۹۰-۸۹

۱۸. برای پیدا کردن محل کروموزومی یک ژن از کدام پایگاه اطلاعاتی می‌توان استفاده خاص کرد؟
- الف PubMed
ج PIR و PDP
ب Map viewer
د GeneBank
۱۹. کدام پایگاه از پایگاه‌های اطلاعاتی اولیه توالی اسیدونکلئیک نیست؟
- الف DDBJ
ب EMBL
ج GeneBank
د Swiss-Port
۲۰. کدام پایگاه اطلاعاتی در تلاش برای تفسیر منطقی داده‌های پروتئین و ایجاد کاتالوگ جامعی از اطلاعات پروتئینی از یکی کردن اطلاعات پایگاه‌های Swiss-Port، TrEMBL و PIR حاصل شده است؟
- الف UniPort
ب EMBL
ج GeneBank
د INSD
۲۱. توالی‌هایی از DNA یا پروتئین که بطور دقیق مانند هم باشند را چه می‌نامند؟
- الف همسانی توالی (Identity)
ب همولوژی
ج مشابهت توالی (Similarity)
د توالی‌های حفاظت شده (Conserved sequences)
۲۲. به ترتیب برای توالی‌یابی DNA و برای توالی‌یابی پروتئین نیاز به کدام ماتریس‌ها است؟
- الف ۱۵×۱۵ و ۸×۸
ب ۱۰×۱۰ و ۵×۵
ج ۴×۴ و ۲۰×۲۰
د ۲۰×۲۰ و ۴×۴
۲۳. کدام برنامه یا ابزار جستجو سعی در پیدا کردن هم‌دیفری بدون فاصله و بالاترین امتیاز (در بین توالی موجود در پایگاه‌های اطلاعاتی و توالی تقاضا) دارد و به وفور برای شناسایی تشابهات بین توالی‌ها استفاده می‌شود؟
- الف BLAST و FASTA
ب CGAP
ج Entrez Protome
د OMSSA
۲۴. کدام روش آزمایشگاهی پیش‌بینی ژن با دو رگ گیری با mRNA و cDNA است؟
- الف الکتروپوریشن
ب واکنش زنجیره ای پلیمراز
ج نوردن بلاستینگ
د بمباران ذره ای
۲۵. از شبکه عصبی، قرائت باز با استفاده از نرم افزار و مدل مخففی مارکف برای چه موردی استفاده می‌شود؟
- الف پیش‌بینی ژن بوسیله روش‌های آزمایشگاهی
ب تظاهر ژن
ج فرار ژن
د بروز ژن بوسیله روش‌های آزمایشگاهی