

تعداد سوالات: تستی: ۳۰ تشریحی: ۰

زمان آزمون (دقیقه): تستی: ۴۵ تشریحی: ۰

سری سوال: یک ۱

درس: کاربرد کامپیوتر در بیوتکنولوژی

رشته تحصیلی/کد درس: مهندسی بیوتکنولوژی کشاورزی ۱۱۵۲۱۶

۱- کدام گزینه از حوزه های اصلی عمل بیوانفورماتیک نمی باشد؟

WWW.PNUEBOOK.IR

۰۱ تجزیه و تحلیل توالی یابی مولکولی

۰۲ انتقال ژن و هیبریداسیون بین گونه ای

۰۳ ساختارهای مولکولی

۰۴ تجزیه و تحلیل مولکولی

۲- کدام مورد مصداق یک پایگاه اطلاعاتی برای مقالات چاپ شده در موضوعات مختلف زیستی است؟

۰۱ Medline

۰۲ PubMed

۰۳ Medline- PubMed

۰۴ OMIN

۳- توالی های موجود در کدام گزینه شامل توالی های جامع و غیر تکراری DNA و RNA و محصولات پروتئینی موجودات است؟

۰۱ MeSH

۰۲ RefSeq

۰۳ OMIN

۰۴ OMIA

۴- توالی یابی DNA انتهایی ۳ یا ۵ کلون های cDNA که به صورت تصادفی بر اساس غربال کردن کلون های خاص یک کتابخانه cDNA انتخاب می شوند را چه می نامند؟

۰۱ EST

۰۲ mRNA

۰۳ GSS

۰۴ SNP

۵- کدام گزینه در بر گیرنده پایگاه اطلاعات ژنوم است؟

۰۱ PDB

۰۲ EMBL

۰۳ DDBJ

۰۴ Map Viewer

۶- از کدام برنامه برای مقایسه توالی DNA و پروتئین با توالی های دیگر در همه پایگاه های اطلاعاتی استفاده می شود؟

۰۱ PCR الکترونیکی

۰۲ BLAST

۰۳ UniSTS

۰۴ Map Viewer

۷- TaxPlot چیست؟

۰۱ ابزاری برای محاسبه همردیفی های cDNA

۰۲ ابزاری برای تعیین دومین های عملکردی پروتئین

۰۳ ابزاری برای آزمون های آماری

۰۴ ابزاری برای مقایسه سه جهت ژنوم ها بر اساس توالی های پروتئینی که آنها را رمز می کنند

تعداد سوالات: تستی: ۳۰ تشریحی: ۰

زمان آزمون (دقیقه): تستی: ۴۵ تشریحی: ۰

درس: کاربرد کامپیوتر در بیوتکنولوژی

رشته تحصیلی/کد درس: مهندسی بیوتکنولوژی کشاورزی ۱۱۵۲۱۶

سری سوال: ۱ یک

۸- کدام گزینه غلط است؟

WWW.PNUEBOOK.IR

۱. Enterz یک پایگاه اطلاعاتی نیست

۲. از نظر تاریخچه پایگاه های اطلاعاتی اسید نوکلئیک نسبت به پایگاه های پروتئین از قدمت بیشتری برخوردار است

۳. سه پایگاه Gene Bank و DDBJ و EMBL با هم مرتبط هستند

۴. مقر EMBL در انگلیس می باشد

۹- کمترین مقدار تکرار، کیفیت بالای مستندسازی، امکان ارتباط با پایگاه های اطلاعاتی دیگر و بهترین پایگاه های اطلاعاتی توالی پروتئینی در کدام گزینه دیده می شود؟

۴. Swiss-Port

۳. MIPS

۲. TrEMBL

۱. PIR

۱۰- تجزیه توالی ها بدون در نظر گرفتن کدام مورد تقریبا غیر ممکن است؟

۱. نمایش گرافیکی پروتئین ها

۲. هم ردیفی توالی ها

۳. لوگوی توالی

۴. خانواده پروتئین

۱۱- به توالی هایی از DNA یا پروتئین که بطور دقیق همانند هم باشند چه اطلاق می شود؟

۱. هم ردیفی یک ردیفه

۲. همسانه سازی

۳. همسانی توالی ها

۴. همه موارد

۱۲- به توالی های که اشتراک آنها حاصل همردیفی بین آنها است چه اطلاق می شود؟

۱. توالی توافقی

۲. همولوژی

۳. مشابهت توالی ها

۴. توالی حفاظت شده

۱۳- برای جایگزینی بین اسیدهای آمینه در توالی های DNA نیاز به چه نوع ماتریسی است؟

۱. ۵×۵

۲. ۱۰×۱۰

۳. ۴×۴

۴. ۷×۷

۱۴- برای توالی پروتئین نیاز به ماتریس برای در نظر گرفتن جایگزینی ها بین اسیدهای آمینه خواهد بود؟

۱. ۲۰×۲۰

۲. ۵×۵

۳. ۱۰×۱۰

۴. ۸×۸

۱۵- منظور از پیش بینی ژن چیست؟

۱. شناسایی توالی اینترونی

۲. پیش بینی توالی اگزونی

۳. شناسایی نواحی ژنومی رمز کننده پروتئین

۴. پیش بینی فاصله درون مولکولی

۱۶- در پروکاریوت ها چارچوب قرائت باز (ORF) رمز شروع پیش بینی ژن چیست؟

۱. TATAGG

۲. TAG

۳. AAA

۴. ATG

تعداد سوالات: تستی: ۳۰ تشریحی: ۰

زمان آزمون (دقیقه): تستی: ۴۵ تشریحی: ۰

درس: کاربرد کامپیوتر در بیوتکنولوژی

رشته تحصیلی/کد درس: مهندسی بیوتکنولوژی کشاورزی ۱۱۵۲۱۶

سری سوال: ۱ یک

۱۷- معمول ترین روش شناسایی و پیش بینی آزمایشگاهی ژن کدام گزینه است؟

WWW.PNUEBOOK.IR

۰۱ نوردن بلا تینگ

۰۲ دو رگ گیری mRNA با cDNA

۰۳ دو رگ گیری با mRNA یا cDNA است که بیشتر توسط نوردن بلا تینگ صورت می پذیرد

۰۴ هیچکدام

۱۸- برای پیش بینی ژن کدام روش قابل اطمینان تر است؟

۰۱ بر اساس ESTها

۰۲ تشابه بالا با توالی های شناخته شده

۰۳ تشابه بالا با توالی های شناخته شده یا بر اساس ESTها

۰۴ هیچکدام

۱۹- اختصاصیت (Sp) و حساسیت (Sn) به عنوان دو معیار پایه برای پیش بینی در چه محدوده ای است؟

۰۱ بین صفر تا صد

۰۲ بین صفر و یک

۰۳ یک

۰۴ محدوده خاصی ندارد

۲۰- یکی از مشکلات اصلی پیش بینی ژن ها چیست؟

۰۱ پوشاندن عناصر تکراری

۰۲ وجود EST برای تمامی ژنهای واقعی

۰۳ شناسایی ژن های واقعی از ژنهای کاذب

۰۴ همه موارد

۲۱- سابقه علم بیوانفورماتیک به چه زمانی و چه فردی مربوط است؟

۰۱ ۱۹۶۰ - دی هوف

۰۲ ۲۰۰۰ - بیکر

۰۳ ۱۹۱۰ - سنگر

۰۴ سابقه خاصی وجود ندارد

۲۲- مکان ژنی در پایگاه های توالی به چه صورت بیان می شود؟

۰۱ در انتهای سطر به صورت ۲ حرف در ابتدا و ۶ عدد بعد از آن

۰۲ در ابتدای سطر به صورت ۲ حرف در ابتدا و ۶ عدد بعد از آن

۰۳ در ابتدای سطر به صورت ۳ حرف در ابتدا و ۵ عدد بعد از آن

۰۴ در انتهای سطر به صورت ۳ حرف در ابتدا و ۵ عدد بعد از آن

۲۳- کدام گزینه از پایگاه اطلاعاتی نمی باشد؟

۰۱ پایگاه اطلاعاتی توام توالی اسید نوکلئیک و پروتئین

۰۲ پایگاه اطلاعاتی ساختار ژروئتین

۰۳ پایگاه اطلاعاتی الگوی ژروئتین

۰۴ پایگاه اطلاعاتی نگاره های پروتئین

تعداد سوالات: تستی: ۳۰ تشریحی: ۰

زمان آزمون (دقیقه): تستی: ۴۵ تشریحی: ۰

درس: کاربرد کامپیوتر در بیوتکنولوژی

WWW.PNUEBOOK.IR

رشته تحصیلی/کد درس: مهندسی بیوتکنولوژی کشاورزی ۱۱۵۲۱۶

سری سوال: ۱ یک

۲۴- کدام پایگاه به عنوان اولین کلکسیون توالی های اسید نوکلئیک به شمار می آید؟

۱. Gne Bank ۲. NCBI ۳. EMBL ۴. DDBJ

۲۵- کدام پایگاه اطلاعاتی از موسسه ملی ژنتیک ژاپن پایه گذاری شده است؟

۱. GenePept ۲. GeneBank ۳. DDBJ ۴. Unipot

۲۶- کدام پایگاه بین المللی از یکی شدن اطلاعات سه پایگاه اصلی برای توالی اسید نوکلئیک بوجود آمدند؟

۱. INSD ۲. PDP ۳. PIR ۴. NCBI

۲۷- منبع اولیه، پایگاه اطلاعات ثانویه ProDom و PROSITE در خانواده های پروتئینی کدام گزینه است؟

۱. Swiss-Port ۲. Protein Databases

۳. Blast ۴. همه موارد

۲۸- بیوانفورماتیک شاخه ای از علم:

۱. کامپیوتر است. ۲. ریاضی است. ۳. زیست شناسی است. ۴. شیمی است.

۲۹- کدام گزینه از روشهای علم بیوانفورماتیک است؟

۱. تجزیه علیت و نوترکیبی ۲. کلونینگ
۳. استخراج DNA ۴. الگوریتم آماری

۳۰- در توسعه علم بیوانفورماتیک کدام عامل نقش کمتری داشته است؟

۱. بیومتری و بیواستاتیک ۲. سیستم های فازی و نانوفناوری
۳. پروتئومیکس و ژنومیکس ۴. تکامل مولکولی