

تعداد سوالات: تستی: ۳۰ تشریحی: ۰

زمان آزمون (دقیقه): تستی: ۶۰ تشریحی: ۰

سری سوال: یک ۱

عنوان درس: کاربرد کامپیوتر در بیوتکنولوژی

رشته تحصیلی/کد درس: مهندسی کشاورزی-بیوتکنولوژی کشاورزی ۱۱۱۵۲۱۶

۱- تعیین پروفایل یا الگوی بیان ژنها در سلول در کدام حوزه عمل بیوانفورماتیک قرار می گیرد؟

۱. تحلیل عملکرد

۲. تعیین ساختار مولکولی

۳. تحلیل توالی

۴. بررسی همردیفی

۲- اولین منبع ایجاد داده های خام در بیوانفورماتیک کدام مورد است؟

۱. کریستالوگرافی

۲. طیف سنجی جرمی

۳. توالی یابی بیومولکول ها

۴. الکتروفورز دوبعدی

۳- کدام پایگاه اطلاعات منابع به منظور توسعه پایگاه MEDLINE تاسیس شد؟

۱. MeSH

۲. PubMed

۳. GenBank

۴. PDB

۴- EST چیست؟

۱. مترادف همه ژنهای قابل بیان در موجود زنده

۲. مترادف cDNA کلون شده در مرحله ویژه از نمو سلول

۳. مترادف mRNA بیان شده در مرحله خاص

۴. مترادف DNA ژنومی حاصل از برنامه های همردیفی

۵- در تک شکلی های تک نوکلئوتیدی، جایگزینی گوانین بجای آدنین از چه نوعی است؟

۱. متقاطع

۲. ناهمجنس

۳. transversion

۴. انتقالی

۶- منبع اصلی STSها توالی یابی کدام مورد است؟

۱. RAPD

۲. AFLP

۳. RFLP

۴. 3' - RACE

۷- منظور از توالی های curated در پایگاه های اطلاعاتی چیست؟

۱. داده های اولیه ویرایش نشده

۲. داده های منسوخ شده که اعتبار لازم را ندارند

۳. داده های ویرایش شده موجود در بانک اطلاعاتی

۴. داده های مربوط به توالی یابی غیر مستقیم

۸- ابزار یا برنامه Model Maker به چه منظوری استفاده می شود؟

۱. ایجاد توالی mRNA از روی توالی ژنوم

۲. تهیه و پیش گویی مدل ساختار پرتئین

۳. ارائه اطلاعات در مورد موجودات زنده مدل

۴. پیشگویی برهمکنش های پروتئین-پروتئین

۹- به کمک کدام ابزار پروفایل بیان ژن در بافت های مختلف مقایسه شده و تفاوت ها شناسایی می شود؟

۱. COGs

۲. CGAP

۳. VAST Search

۴. UniGene DDD

تعداد سوالات: تستی: ۳۰ تشریحی: ۰

زمان آزمون (دقیقه): تستی: ۶۰ تشریحی: ۰

سری سوال: ۱ یک

عنوان درس: کاربرد کامپیوتر در بیوتکنولوژی

رشته تحصیلی/کد درس: مهندسی کشاورزی-بیوتکنولوژی کشاورزی ۱۱۱۵۲۱۶

۱۰- موتورهای جستجو در پایگاه های NCBI و EBI عبارتند از:

۱. Enterz و SRS      ۲. SRS و Enterz      ۳. OMIM و PDB      ۴. OMIM و SRS

۱۱- در یک رکورد حاصل از پایگاه اطلاعات اولیه توالی در آغازین، عبارت متشکل از دو حرف و شش عدد مربوط به چیست؟

۱. کد موجود زنده مربوطه  
۲. کد مکان ژنی  
۳. کد پایگاه اطلاعاتی  
۴. تعداد نوکلئوتید / اسید آمینه مربوط به رکورد

۱۲- در رکورد های توالی اولیه سطرهای مشخص شده با عبارت CDS کدام اطلاعات را نشان می دهد؟

۱. اطلاعات پروتئین توالی  
۲. اطلاعات منبع اولیه  
۳. اطلاعات موجود زنده  
۴. اطلاعات توالی DNA رمز کننده

۱۳- پایگاه بین المللی توالی اسید نوکلئیک که حاصل اتحاد EMBL، GenBank، DDBJ است چه نام دارد؟

۱. Interz      ۲. NIG      ۳. PSD      ۴. INSD

۱۴- اطلس دی هوف در ابتدا منبع اطلاعات کدام پایگاه الکترونیکی قرار گرفت؟

۱. Swiss-Prot      ۲. Tr-EMBL      ۳. PIR-PSD      ۴. PDB

۱۵- در اطلاعات حاصل از پایگاه Swiss-Prot سطرهای مربوط به SQ بیانگر چیست؟

۱. توالی DNA مربوط به پروتئین  
۲. توالی پروتئین بلافاصله پس از ترجمه  
۳. توالی پروتئین پس از بروز تغییرات ویرایش در سلول  
۴. توالی mRNA پروتئین بلافاصله قبل از ترجمه و پس از حذف اینترون ها

۱۶- در پایگاه Tr-EMBL بخش SP-TrEMBL حاوی چه اطلاعاتی است؟

۱. رکورد های مستند سازی نشده که به Swiss-Prot وارد می شوند  
۲. توالی های ساختگی  
۳. رمز هایی که به پروتئین های واقعی ترجمه نمی شوند  
۴. قطعات کوچکتر از ۸ آمینواسید

۱۷- طبقه بندی و گروه بندی پروتئین ها بر اساس ارتباط های ساختاری به گروه های فولد، سوپر فمیلی و غیره در کدام پایگاه

انجام می شود؟

۱. SCOP      ۲. PDB      ۳. CATH      ۴. PDBsum

تعداد سوالات: تستی: ۳۰ تشریحی: ۰

زمان آزمون (دقیقه): تستی: ۶۰ تشریحی: ۰

سری سوال: ۱ یک

عنوان درس: کاربرد کامپیوتر در بیوتکنولوژی

رشته تحصیلی/کد درس: مهندسی کشاورزی-بیوتکنولوژی کشاورزی ۱۱۱۵۲۱۶

۱۸- در پایگاه ثانویه PROSITE منبع اطلاعات از کدام پایگاه اولیه است؟

۱. PDB      ۲. Tr-EMBL      ۳. SwissProt      ۴. OWL

۱۹- شناسایی نگاره های پروتئینی مشابه در توالی های دور از هم که با روش های همردیفی معمول قابل شناسایی نیست، با کدام الگوریتم ها شناسایی می شوند؟

۱. EM و Gibbs      ۲. EM و COGnitor  
۳. Gibbs و COGnitor      ۴. Gibbs و BLAST

۲۰- کدام یک از برنامه های زیر به منظور نمایش گرافیکی ساختار پروتئین نیست؟

۱. RasMOI      ۲. Swiss-PDBViwer  
۳. WebLogo      ۴. WebMol

۲۱- همردیفی یک توالی با خودش با استفاده از روش بردار نقطه ای، تعداد خطوط قطری حاصل بیانگر چیست؟

۱. نقاط شروع و پایان تکرار      ۲. تعداد تکرار های پیاپی  
۳. تعداد نوکلئوتید تکرار شده      ۴. کوتاه ترین ترادف تکرار شده

۲۲- برای تهیه ماتریس امتیازدهی طبق کدام مدل فراوانی بازها در توالی DNA را در نظر می گیرد؟

۱. jc      ۲. K2p      ۳. HKY      ۴. dot-plot

۲۳- در محاسبه مقدار جریمه در همردیفی، بهترین فرض کدام است؟

۱. توسعه فاصله معمولا اثرات نامطلوب بیشتری از ایجاد فاصله دارد  
۲. ایجاد فاصله معمولا اثرات نامطلوب بیشتری از توسعه فاصله دارد  
۳. ایجاد و توسعه فاصله میزان جریمه یکسانی دریافت می کنند  
۴. اگر طول فاصله زیاد باشد مقدار جریمه کمتر از جریمه فاصله با طول کم خواهد بود

۲۴- در همردیفی با استفاده از روش بلاست، مقدار شاخص E بیانگر چیست؟

۱. احتمال تصادفی بودن HSP      ۲. مقدار حد آستانه T  
۳. نقطه اتمام توسعه کلمه تقاضا      ۴. مقدار آستانه S

۲۵- در برنامه TBLAST توالی تقاضا و پایگاه مورد استفاده به ترتیب کدامند؟

۱. اسید نوکلئیک و اسید توکلئیک      ۲. پروتئین و پروتئین  
۳. اسید نوکلئیک ترجمه شده و پروتئین      ۴. پروتئین و اسید نوکلئیک ترجمه شده

تعداد سوالات: تستی: ۳۰ تشریحی: ۰

زمان آزمون (دقیقه): تستی: ۶۰ تشریحی: ۰

سری سوال: ۱ یک

عنوان درس: کاربرد کامپیوتر در بیوتکنولوژی

رشته تحصیلی/کد درس: مهندسی کشاورزی-بیوتکنولوژی کشاورزی ۱۱۱۵۲۱۶

۲۶- مهمترین چالش در کاربرد روش بین مولکولی در هم‌دیفی ساختارهای پروتئینی چیست؟

۱. تعیین فاصله کربن آلفا در اولین اسید آمینه
۲. تشخیص اسید آمینه شماره ۱
۳. تشخیص اسید آمینه هم ارز در مکان نخست
۴. تشخیص فاصله تکاملی پروتئین‌ها از یکدیگر

۲۷- کدام یک از برنامه‌های زیر برای تشخیص و پیش‌بینی ژن از روش شبکه‌های عصبی استفاده می‌کند؟

۱. GeneMark
۲. GRAIL
۳. FGENES
۴. GENSCAN

۲۸- برای پیش‌بینی راه‌انداز و عناصر تنظیمی در پروکاریوتها با استفاده از روشهای مبتنی بر Ab initio امتیاز آستانه برای در

نظر گرفتن دو ژن روی یک اپرون چقدر است (بر اساس ونگ و همکاران، ۲۰۰۴)؟

۱. صفر
۲. ۱
۳. ۲
۴. ۳

۲۹- جزایر CpG در ژنوم یوکاریوتها چیست؟

۱. نواحی غنی از نوکلئوتید CG در بالادست راه‌انداز
۲. نواحی غنی از نوکلئوتید CG در درون توالی راه‌انداز
۳. نواحی راه‌انداز که ترادف C-A or T-G تکراری دارد
۴. نواحی غنی از نوکلئوتید CG در پایین دست راه‌انداز

۳۰- در روش مبتنی بر پروفایل بیان ژن برای پیش‌بینی راه‌انداز، از چه نوع اطلاعاتی استفاده می‌شود؟

۱. تجزیه و تحلیل ریز آرایه و تعیین ژنهای هم بیان
۲. تعیین ژنهای هم بیان با استفاده از هم‌دیفی به روش FASTA
۳. بررسی مسیرهای انتقال پیام درون سلولی
۴. هم‌دیفی ژنهای تعیین‌آگزون-اینترون