آزمایشگاه سنجشی
بیست‌ودومین المپیاد
زیست‌شناسی ایران

آزمایشگاه بیوانفورماتیک

آزمون نهایی

Analysis | IAA | Cloning | ORF | Kontorase

زمان آزمون: ۱۲۰ دقیقه

دانش‌پژوه گرامی لطفا موارد زیر را به دقت مطالعه کنید:

- تمامی سوالات را در پاسخ‌برگ پاسخ دهید (محتویات این دفترچه تصحیح نمی‌شود) .
- تمامی اعداد مقادیر پیوسته را تا ۲ رقم اعشار گرد کنید.
- به همراه داشتن هر وسیله و شیئی به غیر از روپوش آزمایشگاهی، لوازم‌التحریر مورد نیاز (فقط خودکار آبی و خط‌کش)، ماشین حساب مجاز و ساعت (یا کرنومتر) ممنوع است.
- پاسخ‌های خود را خوش‌خط و خوانا فقط در کادر مربوطه در پاسخ‌برگ بنویسید.
- تمامی سوالات غیرتشریحی این آزمون نمره‌ی منفی دارند. میزان نمره‌ی منفی هر سوال به صورتی تنظیم می‌گردد که امید ریاضی سوال مربوطه برابر صفر شود (برای مثال نمره‌ی منفی یک‌سوم برای سوال چهارگزینه‌ای).
- در صورتی که مواد و وسایل و ابزارهای شما کامل نیست می‌توانید با بلند کردن دست در ۱۵ دقیقه‌ی اول آزمون آن را گزارش دهید . بعد از این مدت به هیچ عنوان به درخواست شما رسیدگی نمی‌شود.
- در پایان زمان آزمون زنگی به صدا در می‌آید . پروتکل خود را به سرعت ببندید . شما ۱۵ ثانیه فرصت دارید پروتکل خود را در درون پاکت کنار محل نشستن خود قرار دهید. بعد از پایان مهلت مقرر مسئول آزمون پاکت‌ها را جمع‌آوری می‌کند.
- بعد از پایان مدت آزمون و جمع آوری پاکت‌ها، محل نشستن شما توسط مسئول تسک چک شده و همان گونه که تحویل داده شده تحویل گرفته می‌شود.
- توجه کنید صحبت کردن با صدای بلند اکیداً ممنوع است و به سوال‌های علمی پاسخ داده نمی‌شود.
- استفاده از مواد و وسایل و ابزارهایی به جز موارد عنوان شده در بخش مواد و وسایل و ابزارها ممنوع است و تقلب محسوب می‌شود. صفحات کامپیوترهای شما توسط مسئول آزمون نظارت می‌شود ودر صورت تخلف از شما نمره کسر خواهد شد.

عدم رعایت هر کدام از موارد بالا منجر به اخراج و یا کسر نمره از آزمون خواهد شد.

چرک‌نویس:

مواد و وسایل و ابزار ها:

کامپیوتر:

- NCBI (دسترسی کامل): https://www.ncbi.nlm.nih.gov/
- EBI (دسترسی کامل): https://www.ebi.ac.uk/
- PRSS3: https://embnet.vital-it.ch/software/PRSS_form.html
- Exam folder on desktop

استفاده از ویکی‌پدیا، نوت‌پد، گوگل و ... ممنوع است.

همراه خود دانش پژوه:

- ماشین حساب مجاز
- ساعت (کرنومتر)
- روپوش آزمایشگاهی
- لوازم‌التحریر مورد نیاز (فقط خودکار آبی و خط‌کش)

چرک‌نویس:

Kontorase (مجموعا ۲۸ نمره)

شما در هنگام تحقیقات بر روی مولکول کنتور (یک مولکول مهم و بسیار حیاتی دخیل در تمام فرایندهای شناختی موجودات زنده ذی‌شعور) در یک گونه جاندار خاص، ژنی کدکننده کشف می‌کنید که پروتئین آن (Kontorase) این مولکول را تجزیه می‌کند و قابلیت درک را از جاندار مورد بررسی سلب می‌کند. با بررسی‌های بیشتر متوجه می‌شوید این ژن دارای چندین اینترون و اگزون بوده و واریته‌های مختلفی از mRNA از آن ایجاد می‌شوند (با فرایند پیرایش متناوب) که نسخه‌های مختلفی از پروتئین Kontorase را ایجاد می‌کنند. با بررسی‌های بیش‌تر کلmRNAهای مربوط به این ژن از جاندار مورد بررسی استخراج و به cDNA تبدیل و توالی‌یابی شدند. توالی ژن مورد بررسی و بخش کدینگ (CDS) این واریته‌ها در پوشه Part 2 قرار دارد و عدد هر فایل متنی متناظر عدد واریته‌ی مورد نظر است. فرض کنید هر اگزون حداقل در یکی از واریته‌ها موجود می‌باشد. همچنین توجه کنید کد ژنتیکی (کدون‌های آغاز و پایان و آمینواسیدها) در جاندار مورد بررسی ما لزوما با حالت استاندارد یکسان نیست.

سوال ۱. تعداد اگزون‌های ژن مورد بررسی و شماره نوکلئوتید شروع و پایان هر کدام را بنویسید. (۱۴ نمره)

اگزون‌ها را به ترتیب محل قرارگیری در ژن (از نوکلئوتید با شماره کم‌تر به نوکلئوتید با شماره‌ی بیش‌تر) مرتب کنید و آن‌ها را به ترتیب از ۱ شماره‌گذاری کنید و مقابل هر کدام شماره‌ی نوکلئوتید شروع و پایان را بنویسید.

تعداد اگزون‌ها (۲ نمره):

سوال ۲. با پر کردن جدول زیر مشخص کنید هر کدام از واریته‌ها شامل کدام اگزون‌ها می‌باشند؟ (مجموعاً ۱۲ نمره)

در خانه‌یی مربوطه ضربدر یا تیک بگذارید.

توجه کنید اشتباه در پاسخ به سوال ۱ این بخش می تواند پاسخ شما را به این سوال به شدت تحت تاثیر قرار دهد.

همچنین توجه کنید در جدول زیر تعداد ستون‌ها (تعداد اگزون ها) مازاد نیاز می باشد.

هر خانه ۰.۲ نمره

اگزون / واریته‌ی mRNA	۱	۲	۳	۴	۵	۶	۷	۸	۹	۱۰
۱										
۲										
۳										
۴										
۵										
۶										

سوال ۳. روش پاسخ‌گویی خود به ۲ سوال قبلی را به اختصار شرح دهید. توجه کنید این سوال نمره ندارد اما در صورت خالی گذاشتن این سوال، ۲ سوال قبلی تصحیح نمی‌شود. (۰ نمره)

ORF (مجموعاً ۲۷ نمره)

ORF یا Open Reading Frame به توالی پیوسته‌ای از کدون‌ها در DNA می‌گویند که با کدون آغاز (ATG) شروع و با یکی از کدون‌های پایان خاتمه می‌یابد.

در این قسمت، بخشی از توالی DNA یک باکتری به شما داده شده است. این توالی در فایل متنی DNA در فولدر Part 2 قرار گرفته است. هدف شما پیدا کردن تمامی ORFهای موجود در این توالی DNA است. بدین منظور ساختار یک ژن پروکاریوتی برای شما شرح داده شده که می‌تواند به شما در پیدا کردن ORFهای موجود کمک کند.

ساختار یک ژن پروکاریوتی :

ژن‌های کدکننده‌ی پروتئین برای انجام کامل عملکرد خود نیاز به توالی‌هایی دارند که سیستم رونویسی و ترجمه را به‌وسیله‌ی آن توالی‌ها به کار بگیرند. بعضی از این توالی‌ها در جدول زیر آمده‌اند:

نام توالی	توالی (5′→3′)	توضیحات
دخیل در رونویسی		
-10 element (Pribnow box)	TATAAT	قسمتی از پروموتور که معمولا ۱۰ نوکلئوتید بالادست نقطه‌ی شروع رونویسی قرار دارد.
-35 element	TTGACA	قسمتی از پروموتور که معمولا ۳۵ نوکلئوتید بالادست نقطه شروع رونویسی قرار دارد.
transcription termination site	بسیار متغیر در بین گونه‌ها	در محلی قرار می‌گیرد که رونویسی از قسمت کدکننده تمام شده باشد. این توالی در بین گونه‌های مختلف بسیار متغیر است.
دخیل در ترجمه		
توالی شاین – دلگارنو	AGGAGGT	حدودا ۴ - ۱۴ از بالادست کدون آغاز می‌آید و برای اتصال ریبوزوم به mRNA ضروری است.
کدون آغاز	ATG	لازم برای شروع ترجمه و کدکننده آمینواسید متیونین (M)
کدون های پایان	TAG / TAA / TGA	لازم برای پایان ترجمه و جدا شدن ریبوزوم

نکات مهم:

- ORFهایی در این سوال مد ظر ما هستند (باید شمرده شوند) که محصول‌شان پلی‌پپتید فعال باشد (non-coding RNA نباشد) .
- حداقل طول یک پلی‌پپتید برای آن که فعال در نظر گرفته شود ۲۵ آمینو اسید است.
- در این سوال فقط توالی رشته 5′ به 3′ به شما داده شده است ولی هر دو رشته می‌تواند حاوی ژن باشد.

سوال ۱. با توجه به توضیحات داده شده، ORFها را پیدا کرده و طبق آن‌ها جدول زیر را پر کنید . (مجموعا ۲۷ نمره)

تعداد سطرها الزاما با تعداد ORF واقعی موجود برابر نیست. در خانه های اضافی خط تیره بگذارید.

تعداد ORF موجود (۳ نمره)	

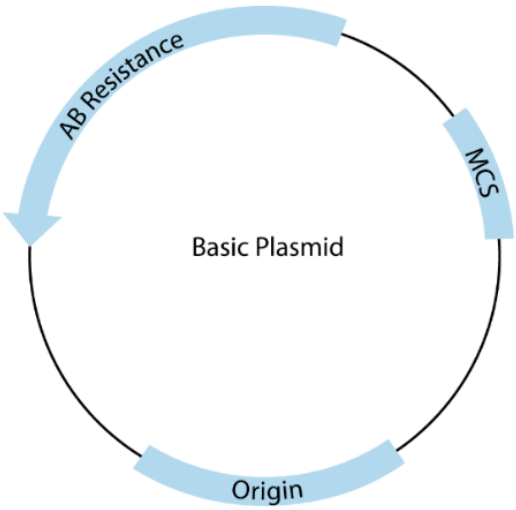
شماره ORF	شماره‌ی اولین باز کدون آغاز از سمت 5′ **۱.۵ نمره**	شماره‌ی اولین باز کدون پایان از سمت 5′ **۱.۵ نمره**	تعداد آمینواسید در پلی‌پپتید متناظر ژن **۰.۵ نمره**	توالی ژن در کدام رشته قرار گرفته (3′→5′) / (5′→3′) **۰.۵ نمره**
۱				
۲				
۳				
۴				
۵				
۶				

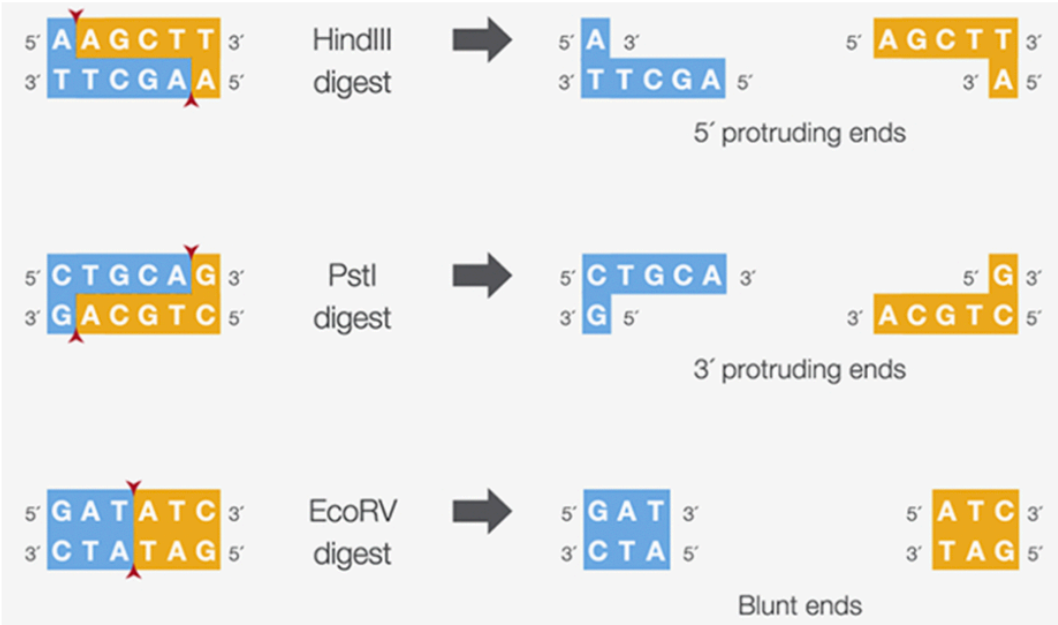
Cloning (مجموعاً ۳۶ نمره)

تولید پروتئین‌های طبیعی و نوترکیب در ابعاد صنعتی قدمی بزرگ در جهت درمان بیماران (به طور مثال تولید انسولین انسانی) و یکی از بزرگ‌ترین موفقیت‌های زیست‌فناوری در دهه‌های اخیر می‌باشد. این فرایند با روش‌های مختلفی انجام می‌شود که یکی از آن‌ها کلونینگ کلاسیک با استفاده از پلازمید بیانی (وکتور) می‌باشد.

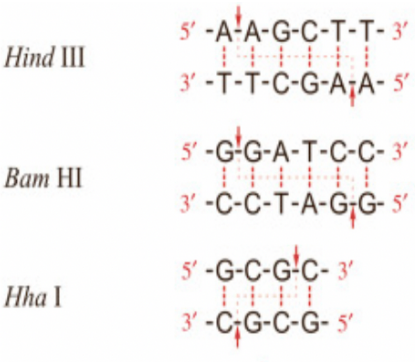
وکتور یک پلازمید طراحی شده برای دریافت ژن‌های مورد نظر ما با توان بیان کردن آن‌ها در موجود مورد نظر می‌باشد. یک وکتور به طور کلی از بخش‌های زیر تشکیل می‌شود:

- MCS (Multiple Cloning Site): محلی که ژن مورد نظر ما در آن قرار می‌گیرد و حاوی تعداد زیادی توالی آنزیم‌های محدودکننده می‌باشد.
- Origin : محل آغاز همانندسازی پلازمید
- ژن مقاومت آنتی‌بیوتیکی که در جهت تشخیص و جداسازی باکتری‌های نوترکیب در محیط کشت به کار می‌رود.





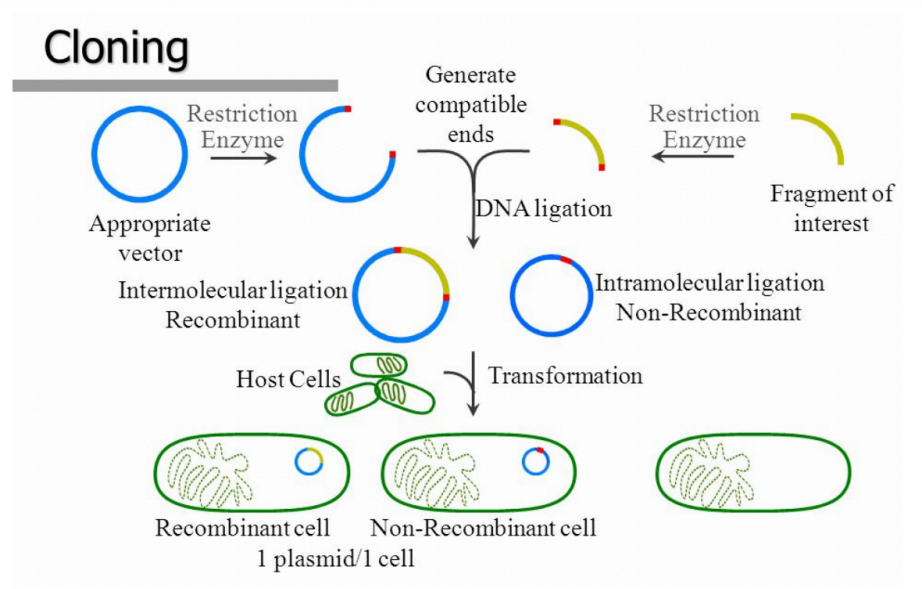
آنزیم‌های محدودکننده یا آندونوکلئازهای محدودکننده آنزیم‌هایی هستند که به طور اختصاصی، توالی خاصی از DNA را شناسایی کرده و آن را برش می‌دهند. در صورتی که توالی‌هایی توسط عواملی مثل متیله شدن تغییر یافته باشند مورد شناسائی آنزیم قرار نمی‌گیرند. از آنزیم‌های محدودکننده جهت انتقال ژن به وکتور پلاسمیدی در فرایند کلونینگ ژن و تولید پروتئین استفاده می‌شود.



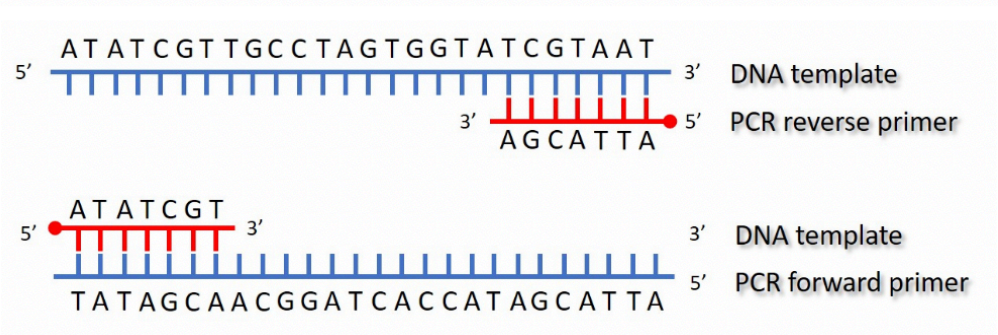
در شکل صفحه قبل و روبه‌رو توالی برش اختصاصی چندین آنزیم محدود کننده نشان داده شده است. برای کلون کردن یک ژن کدکننده‌ی خاص مراحل زیر دنبال می‌شود:

- انتخاب وکتور مناسب و تعیین آنزیم‌های محدودکننده مناسب
- طراحی جفت پرایمرهایی برای تکثیر ژن مورد نظر با روش PCR که در انتهای 5′ خود توالی برش آنزیم‌های انتخاب‌شده را دارا باشند.
- تکثیر ژن با پرایمرهای طراحی شده و روش PCR
- برش وکتور با آنزیم‌های انتخاب شده و انکوبه کردن آن با فراورده‌های PCR در جهت تولید وکتور نوترکیب
- انتقال وکتور نوترکیب به باکتری و ....

در شکل زیر این مراحل نشان داده شده‌اند:



به شکل زیر در مورد اسم دو پرایمر به کار رفته در فرآیند PCR توجه کنید.

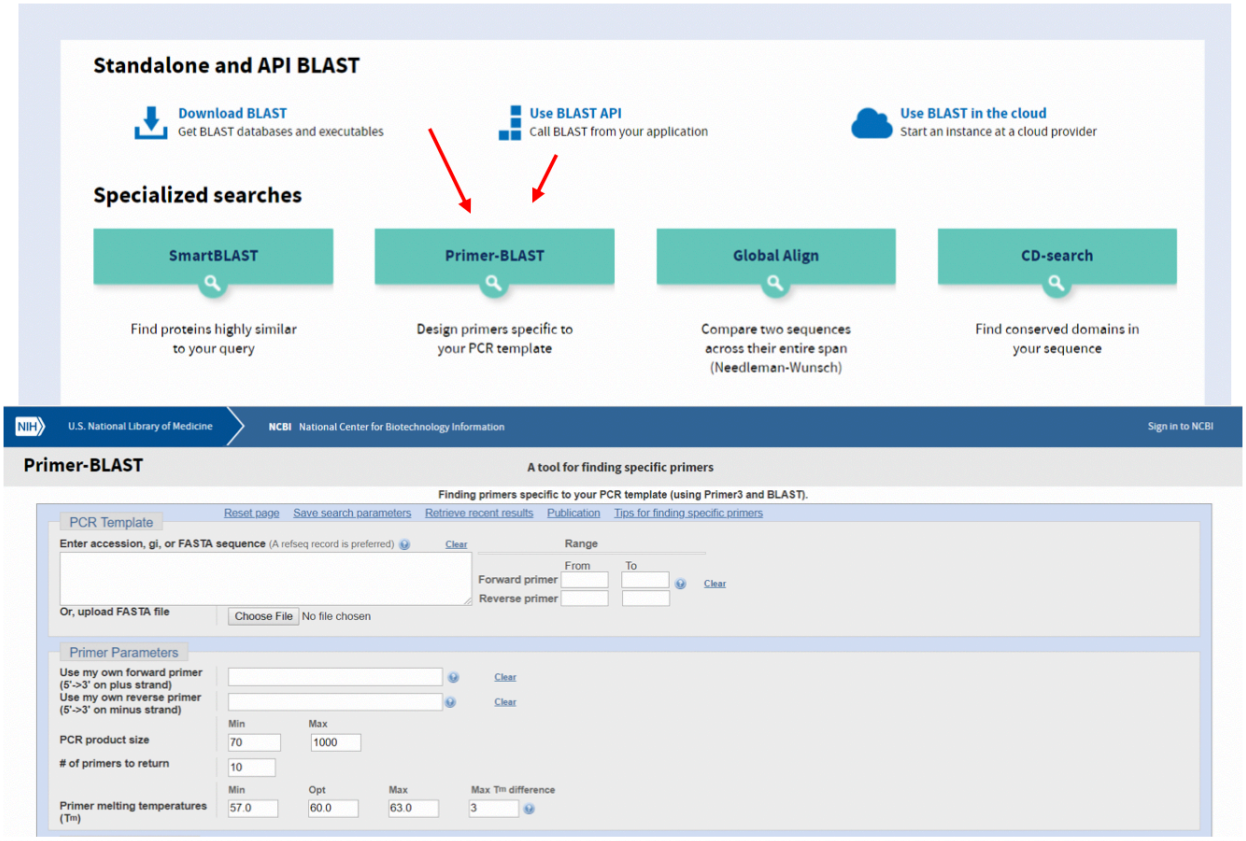


جدول زیر خصوصیات مطلوب برای پرایمرهای طراحی شده ما را مشخص می‌کند. توجه کنید این خصوصیات لزوماً در پرایمرهای واقعی (به دلیل محدودیت‌های موجود برای طراحی در شرایط واقعی) رعایت نمی‌شوند.

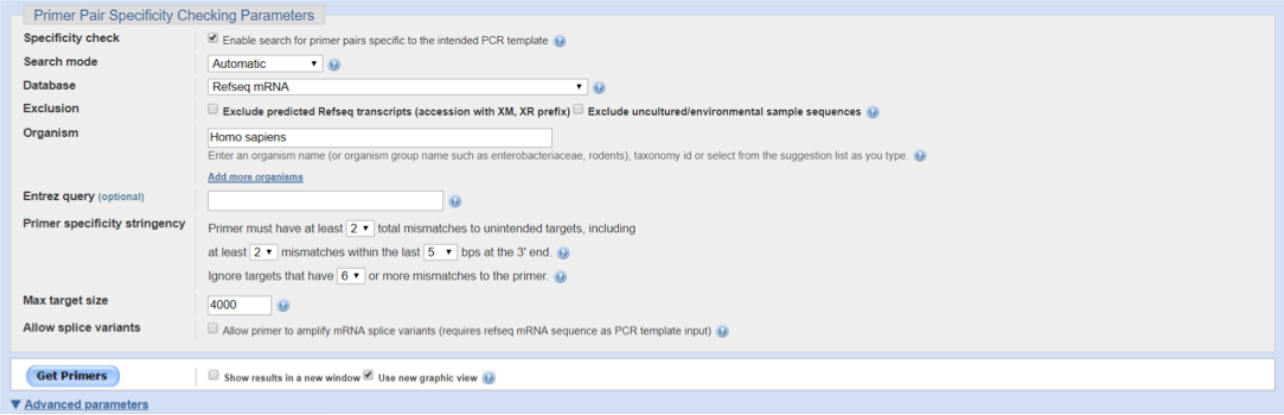
Parameter	Primers
GC content (%)	30–80%
Calculated T_m	50–60°C, always >55°C as UNG works at 50°C
	T_m of the primers should not differ >2°C
Runs of identical nucleotides	Maximum 3 (no Gs!!)
Sequence length	Minimum 15 bp (15–30 bp)
Amplicon length	The shorter the better. With TaqMan probes, 50–150 bp
Distance forward primer to probe	Maximum 50 bp
Primer dimers, hairpin loops	Avoid
3′- instability (3′- rule)	Primers only. Maximum two Gs/Cs in the last 5 bp

T_m یا دمای ذوب به معنای دمایی می‌باشد که دو رشته DNA از هم جدا می‌شوند (و در مورد پرایمر یعنی دمایی که پرایمر از رشته‌ی DNA جدا می شود) و در تعیین دمای Annealing اهمیت دارد.

برای طراحی پرایمر از Primer BLAST در NCBI استفاده می‌کنیم. برای دسترسی به این ابزار در صفحه BLAST به بخش Specialized searches می رویم.

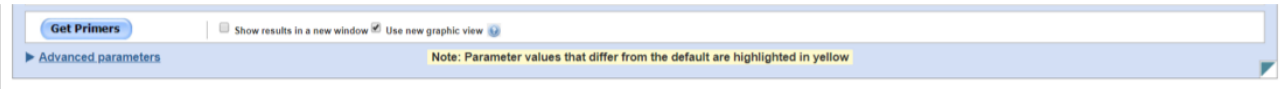


- در بخش Enter sequence توالی مورد نظر برای جستجو را در فرمت FASTA وارد می‌کنیم و یا می‌توانیم فایل آن را آپلود کنیم.
- در بخش Range می‌توانیم محل پرایمرها را مشخص کنیم.
- در بخش PCR product size اندازه‌ی محصول PCR را می‌توان مشخص کرد.
- # of primers to return تعداد جواب‌هایی که نمایش داده می‌شوند را مشخص می‌کند.
- در بخش T_m می توان دمای ذوب پرایمرها را تعیین کرد. Opt به معنی مقدار مطلوب می‌باشد.



همان طور که می دانید اختصاصیت پرایمرهای طراحی شده یکی از موارد مهم و مورد توجه در طراحی پرایمر می‌باشد. بدین منظور ابزار مورد استفاده ما پرایمرهای کاندید را در دیتابیس BLAST می‌کند.

- تیک بخش Specificity check روشن یا خاموش بودن این فرایند را مشخص می‌کند.
- در بخش Database می توانیم دیتابیسی که BLAST در آن انجام می‌شود را مشخص کنیم. این پارامتر را بر روی Genome For Selected Organisms تنظیم کنید.
- در بخش Organism میتوان جاندار مورد بررسی را تعیین کرد.



با کلیک کردن بر روی Advance Parameters می توان وارد تنظیمات پیشرفته تر شد.

- در بخش Primer Size می‌توان اندازه‌ی پرایمر را تنظیم کرد. Opt به معنی مقدار مطلوب می‌باشد.
- در بخش Primer GC content می‌توان درصد نوکلئوتیدهای G و C را تنظیم کرد.

شما تمایل دارید پروتئین حاصل از یک ژن کدکننده تازه کشف شده (که اینترون ندارد) در یک جاندار خیالی را در مقادیر بالا تولید کنید. به این منظور باید مراحل شرح داده شده در بالا را انجام دهید.

توالی این ژن در فایل متنی Gene در فولدر Part 3 قرار گرفته است. مکان CDC (ناحیه‌ای که به پروتئین ترجمه می‌شود) در این ژن از نوکلئوتید ۲۱ تا ۱۰۲ می‌باشد. بررسی‌های شما نشان می‌دهد استفاده از وکتور بیانی خیالی KB79 مناسب می‌باشد. توالی این وکتور در فایل متنی Vec در فولدر Part 3 قرار گرفته است. توجه کنید مکان MCS در این وکتور از نوکلئوتید ۳۴۶ تا ۵۶۷ می‌باشد. همچنین توجه کنید کد ژنتیکی (کدون‌های آغاز و پایان و آمینواسیدها) در جاندار مورد بررسی ما لزوماً با حالت استاندارد یکسان نیست.

سوال ۱ . با توجه به دانسته های خود آنزیم های محدود کننده مناسب برای کلونینگ را پیدا کنید و بنویسید. (۲۰ نمره)

توجه کنید آنزیم‌ها نباید بقیه‌ی وکتور (به جز MCS) و محصول PCR ژن را برش بدهند. تنها آنزیم‌هایی در دسترس هستند که توالی برش و اسم آنها در صفحه ۱۶ آمده است.

نمره منفی این سوال برابر نمره‌ی آن می‌باشد.

آنزیم‌های محدودکننده‌ی انتخاب شده:

(لزوما نیاز به پر کردن تمامی کادر ها نیست.)

سوال ۲. با توجه به دانسته‌های خود جفت پرایمرهای مناسب برای مورد عنوان شده را پیدا کنید و بنویسید. (مجموعاً ۱۶ نمره)

حتما جهت 3′ و 5′ توالی نوشته شده را مشخص کنید و در صورتی که بیش از یک جفت پرایمر را مناسب می‌دانید بهترین آن‌ها را انتخاب کنید.

(هر کدام ۸ نمره)

پرایمر Forward:

پرایمر Reverse:

IAA (مجموعاً ۱۷ نمره)

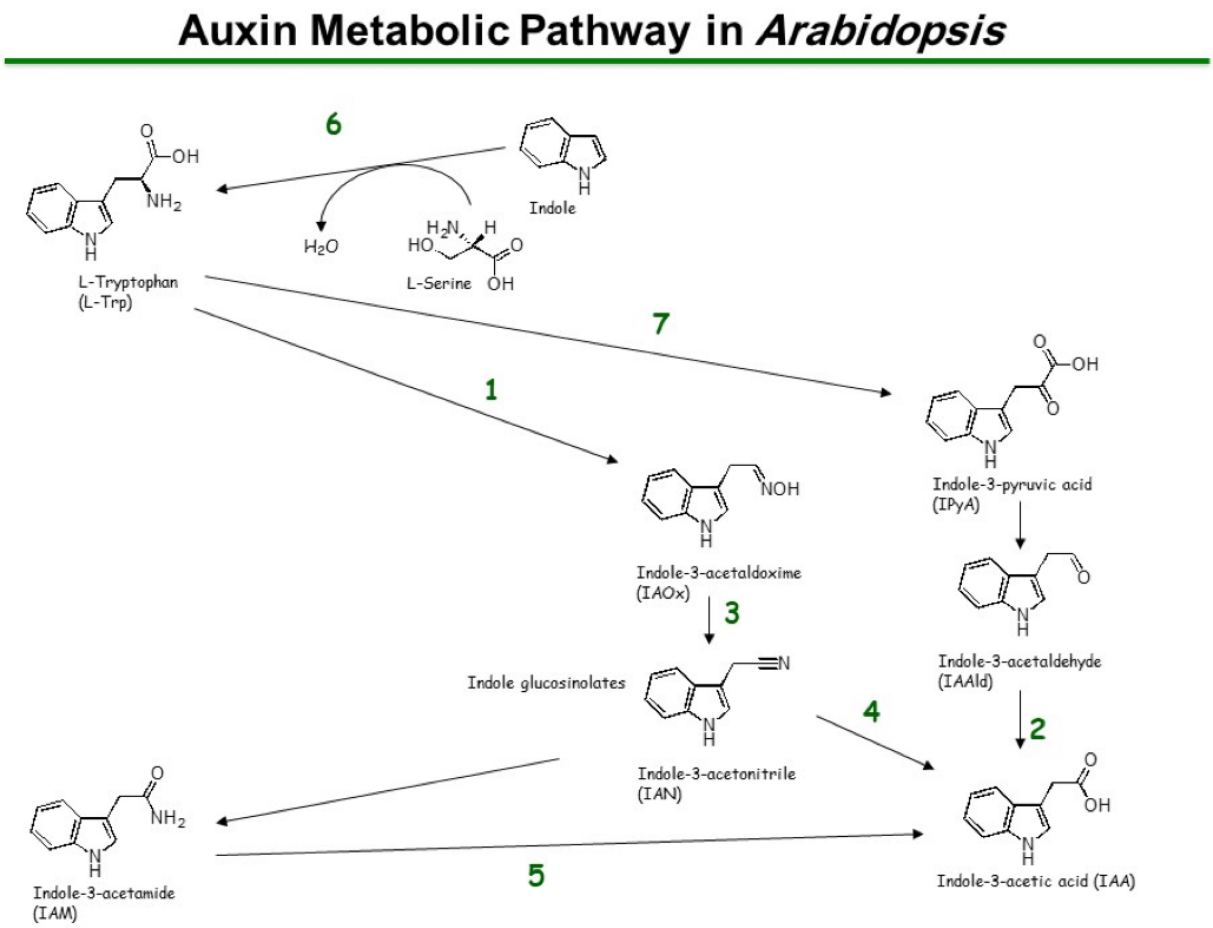
در پژوهشی به منظور بررسی ژن‌های دخیل در مسیر بیوسنتز اکسین در گیاه مدل آرابیدوپسیس تالیانا، بافتی از گیاه که برای تولید اکسین تحریک شده بود جدا و از کلیه mRNAهای موجود در این بافت cDNA تهیه شد. سپس تمام cDNAها توسط توالی‌یابی نسل جدید (NGS) توالی یابی شدند.

در مرحله‌ی بعد مقدار بیان تمامی ژن‌های یافت شده از روی تعداد کپی cDNA موجود تخمین زده شد و cDNAهایی که افزایش بیان معنادار از لحاظ آماری داشتند، انتخاب شده و قطعه کدکننده‌ی پروتئین در این cDNAها مشخص شده و به آمینواسید ترجمه شدند.

اکنون شما در فولدر Part ۴، ۱۰ فایل متنی حاوی توالی پروتئینی مربوط به ژن‌هایی دارید که در اثر تحریک تولید اکسین، افزایش بیان داشته‌اند. می‌دانیم ۷ پروتئین از این ۱۰ پروتئین در مسیر بیوسنتز اکسین نقش دارند.

مسیر متابولیسمی اکسین در تصویر زیر آمده است. شماره‌های ۱ تا ۷ روی تصویر نشان‌دهنده‌ی آنزیم‌های دخیل در این مسیر هستند.

وظیفه‌ی شما این است که تشخیص دهید هر کدام از توالی‌های ۱ تا ۱۰ (P1 تا P10) مربوط به کدام یک از آنزیم های ۱ تا ۷ است.



سوال ۱. جدول زیر را تکمیل کنید. (مجموعاً ۱۴ نمره)

جدول آنزیم‌ها و توالی‌ها:

هر کدام ۱.۸ نمره

شماره آنزیم	نام توالی
۱	
۲	
۳	
۴	
۵	
۶	
۷	

سوال ۲. باتوجه به پژوهش قبل صحیح یا غلط بودن گزاره‌های زیر را مشخص کنید. (مجموعاً ۳ نمره)

هر کدام ۱ نمره

آ. به احتمال زیاد اشتباه در انتخاب پرایمر مناسب برای ساخت cDNA، دلیل پیدا کردن سه توالی غیر از توالی‌های دخیل در مسیر بیوسنتز اکسین بوده است.

ب. پرایمرهای مورد استفاده برای ساخت cDNAها باید برای ژن‌های دخیل در بیوسنتز اکسین تقریبا اختصاصی باشند.

ج. وجود همبستگی میان بیان ژن‌های مسیر بیوسنتز اکسین با بیان ژن‌های کمپلکس ATP-Synthase ، نشان دهنده‌ی اثر تنظیمی مثبتِ هورمون اکسین بر روی ژن کدکننده‌ی این کمپلکس می‌باشد.

Analysis (مجموعاً ۲۵ نمره)

این بخش شامل دو قسمت است.

در **قسمت اول** پس از Align کردن دوبه‌دوی ۳ توالی، معنی‌داری شباهت این سه توالی را با یک‌دیگر از طریق به دست آوردن p-value مقایسه می‌کنید.

در **قسمت دوم**، شما با یک توزیع ارزیابی Alignment جدید (به جز توزیع Gumbel) کار می‌کنید . به این صورت که با وارد کردن بعضی از پارامترهای این توزیع، شکل نمودار آن را مشاهده خواهید کرد. شما باید از این طریق معادله‌ی صحیح این توزیع جدید را انتخاب کرده و درستی یا نادرستی گزاره‌ها را در مورد این توزیع نشان دهید.

قسمت اول

سه توالی با نام های Seq1, Seq2, Seq3 در فولدر Part ۵ به شما داده شده است.

مرحله‌ی اول. ابتدا هر سه توالی را دو به دو با یکدیگر توسط سایت PRSS3، Align کنید. بدین منظور در پنجره‌ی سایت تنظیمات را تغییر ندهید (روی حالت پیش فرض بماند) و توالی‌های خود را در قسمت **1st Query sequence** و **2nd Query sequence** کپی کنید و نام توالی را نیز در قسمت **sequence title** وارد کنید. سپس روی دکمه‌ی Run PRSS کلیک کنید.

مرحله‌ی دوم. در صفحه‌ی نتایج سه پارامتر (Smith-Waterman score, Lambda (λ), K) را برای هر Alignment در جدول زیر یادداشت کنید.

سپس از طریق این پارامترها و فرمول زیر p-value را برای هر Alignment محاسبه کنید.

فرمول محاسبه‌ی p-value:

$$p = 1 - e^{-K.m.n.e^{-\lambda.x}}$$

K: پارامتری که از صفحه نتایج سایت به دست می‌آورید.

m, n: که طول توالی اول و دوم هستند.

e: عدد نپر (e = 2.718)

Lambda(λ): پارامتری که از صفحه‌ی نتایج سایت به دست می‌آورید.

x : برابر با Smith-Walterman score که از صفحه‌ی نتایج سایت به دست می‌آورید.

سوال ۱. جدول زیر را تکمیل کنید . (مجموعاً ۱۸ نمره)

جدول نتایج:

نام توالی اول	m **۰.۵ نمره**	نام توالی دوم	n **۰.۵ نمره**	Lambda(λ) **۱ نمره**	K **۱ نمره**	Smith-Waterman score **۱ نمره**	p-value (به صورت عدد علمی بنویسید) **۲ نمره**
Seq1		Seq2					
Seq1		Seq3					
Seq2		Seq3					

قسمت دوم

برای ارزیابی معنی‌داری یک Alignment معمولا Score آن Alignment را با توزیع Scoreهای به دست آمده از Align کردن تعداد بسیار زیادی توالی به هم ریخته شده، که از یکی از دو توالی Alignment اول به دست آمده‌اند، مقایسه می‌کنیم.

شما با توزیع Gumbel برای این کار آشنایید. اما دانش‌مندان به تازگی توزیع جدیدی را کشف کرده‌اند که نتایج واقعی‌تری را در مورد معنی‌داری Alignment به ما می‌دهد.

در این قسمت شما باید با کمک از نرمافزار Part5 - Task2 معادله‌ی صحیح برای توزیع جدید را پیدا کنید.

به این منظور:

۱. ابتدا روی آیکون نرم‌افزار Part5 - Task2 دبل کلیک کنید.
۲. کمی صبر کنید تا نرم افزار اجرا شود.
۳. در صفحه‌ی نرم‌افزار ۳ جای خالی برای وارد کردن مقدار دلخواه‌تان برای ۳ پارامتر a، b، c وجود دارد.
۴. کمی پایین‌تر یک نوار قابل جابه‌جایی وجود دارد که به وسیله‌ی آن می‌توانید مقدار پارامتر d را تغییر دهید.
۵. وقتی مقدار دلخواه خود را برای هر ۴ پارامتر وارد کردید، روی دکمه Draw کلیک کنید، با این کار پنجره‌ی جدیدی برای شما باز می‌شود که در آن توزیع جدید با پارامترهایی که شما وارد کردید، کشیده شده است.
۶. در صورت تمایل به رسم توزیع با پارامترهایی متفاوت، دکمه ضربدر در پنجره توزیع را بزنید و پس از تغییر پارامترها در صفحه‌ی اصلی نرم‌افزار دوباره دکمه‌ی Draw را بزنید.

نکته: در صفحه‌ای که نمودار توزیع کشیده شده است، می توانید با استفاده از دکمه‌ی بزرگ نمایی را بیش‌تر کرده و با استفاده از دکمه‌ی به حالت اولیه برگردید.

سوال ۲. حال با توجه به نتایج نرم‌افزار معادله‌ی مربوط به توزیع جدید را انتخاب کنید. (۱۰ نمره)

نمره‌ی منفی این سوال برابر نمره آن می باشد.

توجه: پارامتر K در تمامی معادلات زیر یک ثابت مجهول است. $(0 < K < 1)$

توجه: در تمامی معادلات زیر x نشان‌دهنده‌ی مؤلفه‌ی افقی (alignment score) و y نشان دهنده‌ی مؤلفه‌ی عمودی (Probability) است.

آ. $$y = K * \left(\sqrt{a} * c * \left((x-d) * b\right) * \sqrt[4]{1 - \left((x-d) * b\right)}\right)$$

ب. $$y = K * \left(\sqrt{a} * c * (x * b) * \sqrt{1 - (x * b)}\right)$$

ج. $$y = K * \left(a * (x-d) * e^{-1*\left(\frac{b}{c}\right)*(x-d)}\right)$$

د. $$y = K * \left(a * c * (x-d) * e^{-b*(x-d)}\right)$$

ه. $$y = K * \left(\frac{a}{\sqrt{2 * (\pi - d)}} * \left(e^{-b * \frac{x^2}{2*c}}\right)\right)$$

و. $$y = K * \left(\frac{a}{\sqrt{2 * \pi}} * \left(e^{-1*\frac{b}{c} * \frac{(x-d)^2}{2}}\right)\right)$$