سوالات و کلید آزمون ژنتیک مولکولی دوره ۴۰ سال ۱۳۹۷

پاسخ درست به هر گزاره، ۱ نمره مثبت و پاسخ نادرست به آن ۰/۹ نمره منفی دارد.

1- در inverse PCR

الف) انتهای ′5 پرایمرها در مجاورت یکدیگر است. در این تکنیک پرایمرها جهت واگرا از یکدیگر دارند.

ب) پرایمرها ترجیحا طول یکسان و دمای annealing متفاوتی دارند. دمای نزدیک بهم شرط اصلی است. طول اهمیت اساسی ندارد

ج) پرایمرها دمای annealing یکسان یا نزدیک بهم و احتمالا طول متفاوتی دارند. دمای نزدیک بهم شرط اصلی است. طول اهمیت اساسی ندارد

د) توالی پرایمرها مکمل هم منظور میشود تا در جهت مخالف تکثیر کنند. منجر به دایمر پرایمر میشود و مانع از تکثیر ژن مورد نظر می شود.

ه) معمولا طول ترانسپوزون مورد استفاده برای tagging و سپس انجام inverse PCR اهمیت ندارد. پرایمرها در دو انتهای ترانسپوزون و به صورت واگرا طراحی می شود. لذا طول ترانسپوزون مهم نیست.

2- پروتیین فرضی انسانی X را در نظر بگیرید.

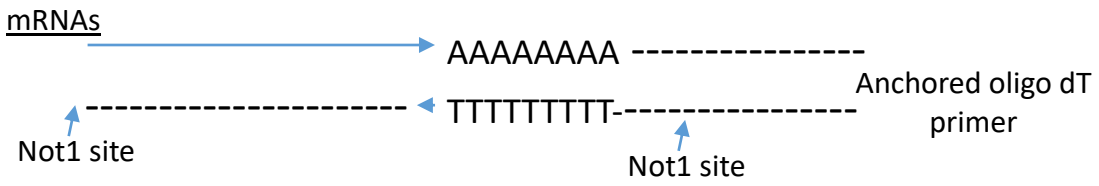
الف) احتمال دارد که یک پروموتر در وسط ژن X قرار داشته باشد. اگر از ژنهای کلاس یک یا سه باشند محتمل است. حتی ممکن است ژن با یک ژن دیگر هم پوشان باشد.

ب) اگر (Xpromoter)+GFP را به سلول کبدی انسانی وارد و رنگ سبز GFP بیان شود به این معنی این است که پروتیین X درسلول کبدی تولید می شود. ممکن است این ژن RNA غیر کد کننده تولید کند.

ج) اگر کاست (Xpromoter)+GFP سلول کبدی را سبز نکند در صورتیکه ان را به سلول پوست انسانی بفرستیم امکان دارد سبز رنگ شود. ممکن است فاکتورهای رو نویسی لازم در سلول پوستی باشد ولی در کبدی نباشد.

د) اگر یک mRNA شبیه به توالی ژن X در سلول کبدی پیدا شود، قطعا کاست (Xpromoter)+GFP درون همان سلول کبدی انسانی GFP را بیان می کند. ممکن است علاوه بر پراموتر، بیان ژن به Enhancerهای درون ژنی هم نیاز داشته باشد.

3- ازسلول پانکراس انسان mRNA ها را استخراج، و سپس cDNA library را مطابق شکل زیر ساخته و با استفاده از برش با انزیم Not1 انها را درون پلاسمید ها کلون کرده ایید. سپس دو کلون باکتریایی با طول cDNA های یکسان را جدا و اقدام به تهیه 5′EST از یکی، و 3′EST از دیگری کرده ایید. طول 5′EST حدود ۸۰۰ باز و طول 3′EST حدود ۲۰۰ باز شده اند. فرض کنید ژن مرتبط با این EST ها اینترون و تکرار ژنومی ندارد.



در این ازمون:

الف) امکان دارد توالی 3′EST ۲۰۰ بازی بطور کامل با توالی 5′EST ۸۰۰ بازی یکسان باشد. اگر دو کپی از یک cDNAی یکسان بصورت معکوس کلون شده باشند محتمل است.

ب) امکان دارد توالی 3'EST ۲۰۰ بازی بطور کامل مکمل با توالی 5'EST ۸۰۰ بازی باشد. در صورت مساله گفتیم توالی تکرار در ژنوم نداریم.

ج) امکان دارد میزان بیان ژن کد کننده 5'EST ۸۰۰ بازی با میزان بیان ژن کد کننده 3'EST ۲۰۰ بازی یکسان نباشد. اگر از دو ژن متفاوت باشند تقریبا قطعی است.

د) اگر توالی ژنوم انسان را با Not1 بریده و با استفاده از پروب متناظر با توالی EESTی ۲۰۰ بازی ساترن بلات ژنوم انجام دهیم، حتما بیش از یک باند میگیریم. دلیل؟ چون طبق فرض توالی تکراری در ژنوم نداریم پس یک نسخه از ژن در ژنوم است و انتظار فقط یک باند را داریم. ولی چون ژنوم انسانی است و دیپلویید است پلی مورفیسم در محل برش انزیم Not1 ممکن است منجر به ایجاد دو نوع باند با طولهای متفاوت شود. پس حتمی نیست بلکه وابسته به پلی مورفیسم سایت Not1 است.

4- در positional cloning برای کشف ژنهای ناشناخته:

الف) یافتن ژنهای طولانی تر ساده تر است از یافتن ژنهای کوتاه تر. چون شانس جهش یافتن ژن و ایجاد فنوتیپ موتان بیشتر است.

ب) لاینهای موتان دارای شدت فنوتیپ متفاوت در صورتیکه همگی در یک ژن جهش مشترک یافته باشند اگر با هم امیزش داده شوند غالبا فنوتیپ وحشی می دهند. فنوتیپ موتان میدهند. مگر اینکه کراس اور داخل ژنی رخ دهد.

ج) موتانهای غالب بر موتانهای مغلوب ترجیح دارند. برعکس است.

د) اگر فرم وحشی ژن کاندیدای فنوتیپ در حال مطالعه را در گیاه وحشی یا موتان بیش بیان کنیم احتمال دارد فنوتیپ متفاوتی تولید کند.اگر در گیاه وحشی بیش بیان کنیم ممکن است منجر به cosuppression شده فنوتیپ موتان بدهد!! ولی در گیاه موتان فنوتیپ را به وحشی بر می گرداند.

5- کدامیک از گزاره های زیر در مورد تعیین توالی ژن محل فرود ترانسپوزون درست است: (random primer مجموعه ای از توالی های کوتاه و رندم است)

الف) در صورتی که در روش tagging از پرایمر مخصوص ترانسپوزون به همراه random primer استفاده کنیم و محصول واکنش PCRرا روی ژل ران کنیم، اسمیر تشکیل میشود. رندم پرایمرها توالیهای زیادی را تکثیر می کنند.

ب) در صورتی که در روش tagging از پرایمر مخصوص ترانسپوزون به همراه random primer استفاده کنیم، بخشی از توالی ترانسپوزون تکثیر میشود. لا اقل توالی پرایمر مخصوص ترانسپوزون متعلق به ترانسپوزون است.

ج) در صورتی که در روش tagging از پرایمر مخصوص ترانسپوزون به همراه random primer استفاده کنیم و محصول واکنش PCRرا روی ژل ران کنیم، فقط یکی از باند تشکیل میشود که دارای قسمتی از ژن ترانسپوزون و توالی DNA مجاور آن تشکیل میشود. چندین رندم پرایمر در فواصل متفاوت از ترانسپوزون، به همراه پرایمر ترانسپوزونی باند داده اند.

د) در صورتی که در روش tagging از پرایمر مخصوص ترانسپوزون به همراه random primer استفاده کنیم و محصول واکنش PCRرا روی ژل ران کنیم، فقط یک باند تشکیل میشود که دارای کل از ژن ترانس پوزون و توالی DNA مجاور آن تشکیل میشود. خطا سات چون توالی پرایمر ترانسپوزونی را در انتهای ترانسپوزون تعبیه میکنند. هدف کشف توالی مجاور ترانسپوزون است نه خود ترانسپوزون.

۶-

الف)

فرد	تاثیر محیط (e)
p1	7.8
p2	8
p3	-2.4
p4	-3.2
p5	-14
p6	7.2
p7	-6.8
p8	0.4
f1	-5.6
f2	4
f3	8.8
f4	-3.2
f5	-14
f6	7.6
f7	5
f8	0.4

ب) ۲۴٫۴۳۱ (±۰٫۰۱۵)

ج)

COV	VA	h2
152.375	361.72	0.825911

برای کواریانس، بازه ±۲ نمره کامل و بازه 7± ، ۰٫۶ نمره را خواهند گرفت

برایva ، بازه 2± نمره کامل و بازه 10 ± ، ۰٫۶۷ نمره را خواهند گرفت

برای h2 ، با توجه به Va ، 0.02± نمره کامل خواهند گرفت

د) با توجه به h2 بدست آمده در سوال قبل، بازه ±۱ نمره کامل خواهند گرفت (برای قد نسل بعد)

برای شماره نسل، با توجه به h2 نمره خواهید گرفت

۷-

الف) تست کای دو

ب)

SNP1	SNP2	SNP3
7.575758	127.7919	109.8856

برای snp1 ، ±۰/۰۲ نمره خواهند گرفت

برای snp2 & 3 ±۰/۶ نمره خواهند گرفت

ج) بین ۱۰/۶ و ۱۳/۸۲

د)

برای snp1 رد نمیشود و برای دو snp دیگر رد میشود