



آزمون جانوری

امتحانات انتخاب تیم ایران در المپیاد جهانی
زیست شناسی 2020

مدت آزمون

120 دقیقه

تاریخ برگزاری

12 خرداد 1399

تعداد سوالات

11 سوال

نکات خاص آزمون

- سوالات تستی و ص غ نمره دهی همانند مرحله یک و دو دارند
- امتحان مجموعاً 220 نمره است
- لطفاً جواب ها خوانا و تا حد ممکن بدون خط خوردگی باشند

در این کادر چیزی ننویسید	تصحیح اول	تصحیح دوم	تجدید نظر

کد دانش پژوه (در این بخش چیزی ننویسید): []

1- گروهی از دانش‌آموزان المپیادی برای بررسی گونه‌های جانوری اقیانوسی به سفری علمی به پاپوا گینه نو رفته اند. آنها در این سفر قصد دارند با جمع‌آوری گونه های جانوری متعدد به دانش سیستماتیک جانوری خود بیفزایند. غلام‌علی که غواصی قهار می‌باشد سه گونه جانوری از دریا جمع‌آوری کرده است. برای دست‌گرمی ابتدا خارپوست را میان این سه گونه مشخص کنید! (1 نمره)



(الف)

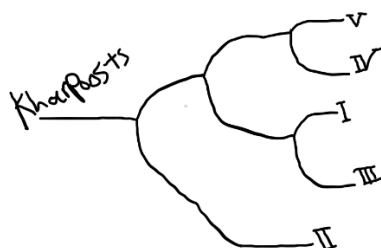
(ب)

(ج)

پس از جمع‌آوری نمونه های مختلفی از چند جانور که خارپوست بودن آن‌ها برای همراهان علمی گروه ما محرز شده بود. یکی از دانش‌آموزان گروه با بررسی مورفولوژی پنج عدد از خارپوستان که هر کدام به یکی از پنج کلاس معروف خارپوستان تعلق داشتند، جدول فوق را طراحی کرده است.

ردیف/ ویژگی	موقعیت دهان	سطح آمبولاکرال	تعداد بازو
I	در تماس با کف	کاملاً در تماس با کف	22
II	در تماس با جریان آب	کاملاً در تماس با جریان آب	ندارد
III	در تماس با کف	کاملاً در تماس با کف	5
IV	در تماس با جریان آب	بیشتر در تماس با جریان آب	ندارد
V	در تماس با کف	بیشتر در تماس با جریان آب	ندارد

او سپس از استادش می‌طلبد که برای این پنج کلاس معروف خارپوستان برایش درخت تکاملی رسم کند. استاد دانشمند وی با در دست گرفتن یک عدد خودکار طرح زیر را بر روی کاغذ خود پیاده می‌کند.



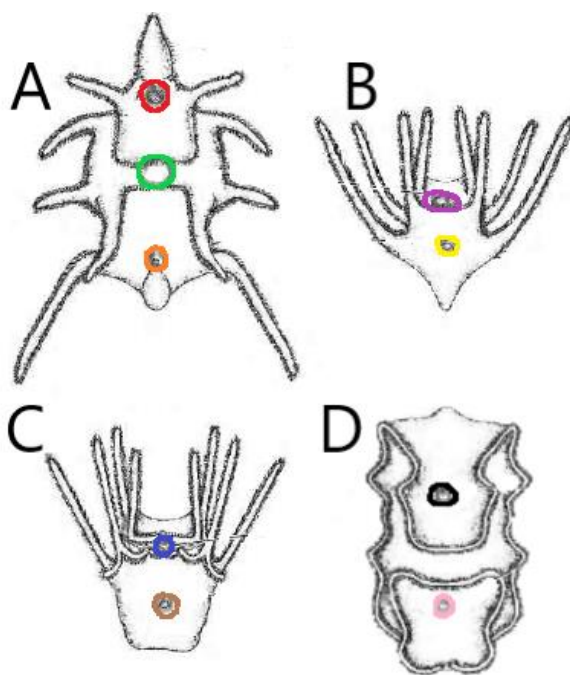
بتول که دیگر دانش‌آموز گروه و اصالتاً فرانسوی است کمی دقیق‌تر عمل کرده و توانسته پنج گونه دیگر هرکدام متعلق به یکی از این پنج کلاس از خارپوستان را بدرستی شناسایی کند و از هر کدام یک خصوصیت جالب را یادداشت کرده است:

espèce	la caractéristique
<i>Astroba nuda</i>	absence d'anus
<i>Molpadia sp.</i>	absence de podia
<i>Myxaster medusa</i>	aborale madreporite
<i>Echinometra viridis</i>	corps couvert d'épines
<i>Oxycomanthus bennetti</i>	filtre l'eau

در زیر درخت تکاملی برای این گونه ها رسم کنید: (9 نمره)



2- جاسم توانسته با بررسی چرخه تولیدمثلی خارپوستان دریای سلیمان چهار لارو از چهار کلاس از خارپوستان را پیدا کند. (رنگ های مشخص شده به ترتیب از بالا به پایین : نمونه A – قرمز ، سبز ، نارنجی / نمونه B: بنفش – زرد / نمونه C: آبی – قهوه ای / نمونه D: سیاه – صورتی)



با توجه به سوال قبل معین کنید کدام کلاس از خارپوستان است که لاروش در میان لارو های مطالعه شده جاسم نمی باشد: (1 نمره)

الف) I ب) II ج) III د) IV ه) V

حال در جدول زیر دهان را با د، مقعد را با م و سایر موارد را با س ذکر کنید: (9 نمره)

قرمز	سبز	نارنجی	بنفش	زرد	آبی	قهوه ای	سیاه	صورتی

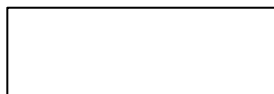
جاسم به شما می گوید یکی از موارد فوق لارو Myxaster medusa می باشد.

کدام یک ممکن است این لارو باشد؟ (1 نمره)

الف) A ب) B ج) D د) C ه) جاسم دروغ می گوید

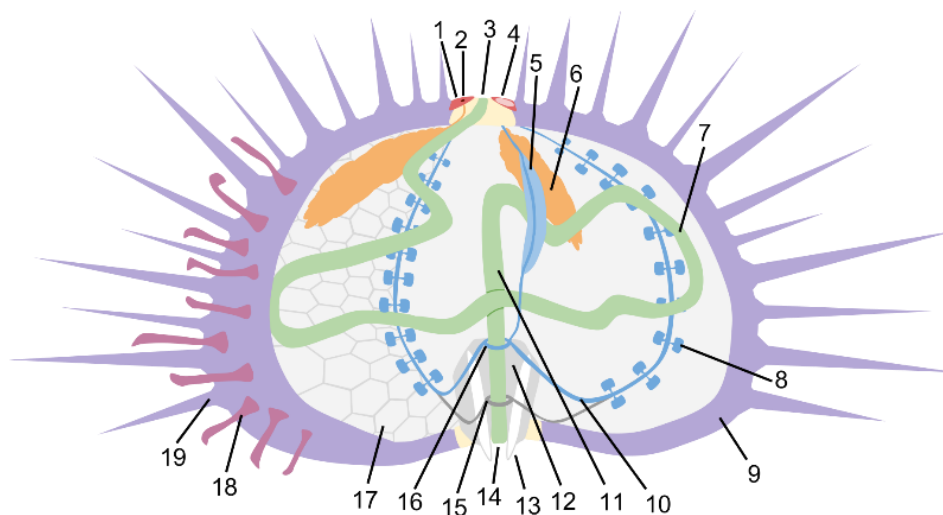
3- قربان به عنوان سردسته گروه قصد تدارک دیدن نهار برای اعضای گروه را دارد ولی به علت طوفان متوجه می‌شود که تا 2 هفته دیگر خبری از غذا برای او و تیم نمی‌باشد.

یک سوال درون سوال! : فرض کنید انسان اگر برای دو هفته غذا نخورد یا نخوابد می‌میرد. در ضمن واضح و مبهرن است که انسان نمی‌تواند در آن واحد هم غذا بخورد و هم بخوابد. حال انسانی را درون اتاقی نگاه داشته ایم و شرایط را برای دو هفته طوری تنظیم کرده ایم که وی نه بتواند غذا بخورد و نه بتواند بخوابد. محدودیت غذا خوردن و خوابیدن وی بعد از دقیقاً دو هفته رفع شده و او اکنون در لبه مرگ و زندگی قرار دارد و همزمان گرسنگی و بی‌خوابی جان او را تهدید می‌کنند. برای زنده ماندن باید اول غذا بخورد یا باید اول بخوابد؟ (راهنمایی: مسئله فوق را با نگاه زیستی نگاه نکنید، اهمیت خواب و غذا برای بدن را یک اندازه در نظر بگیرید.) (3 نمره)



قربان که متوجه می‌شود در صورت دل بستن به کمک هوایی ممکن است گروه از گرسنگی تلف شود، به خاطر می‌آورد که گناد بعضی از گونه‌های توتیای دریایی که اتفاقاً در این ساحل هم زندگی می‌کنند خوراکی است و احتمالاً تنها منبع پروتئین قابل استفاده برای او و یارانش است. وی تصمیم می‌گیرد تا با فرستادن اعضای گروه به شکار توتیای دریایی جان ایشان را نجات دهد. در تصویر گناد ها را برای مصرف قربان و اعضای تیم مشخص کنید:

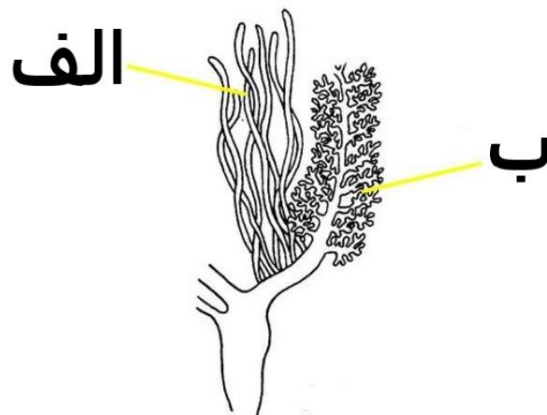
اندام	شماره
گناد



خب گناد هارا مشخص کردید؟ خیلی زحمت کشیدید! بقیه اندام ها را هم مشخص کنید. (9 نمره)

شماره	اندام	شماره	اندام	شماره	اندام
1	8	15
2	9	16
3	10	17
4	11	18
5	12	19
6	گناد ☺	13		
7	14		

حال به شکل زیر دقت کنید:



این دو اندام از جانوری از کلاس IV (ر.ک. سوال 1) جدا شده اند.

تستی اول سوال 3: اندامی که این دو اندام از آن منشعب شده اند در توتیای دریایی اندام شماره چند هستند؟ (صحیح ترین گزینه را انتخاب کنید) (1 نمره)

الف) 7 ب) 10 ج) 5 د) 14 ه) 6

تستی دوم سوال 3: لوله های کوورین (Cuvierian) کدام مورد هستند؟ کدام مورد کاربرد تنفسی دارد؟ (1 نمره)

الف) الف-ب ب) ب-الف ج) الف-الف د) ب-ب ه) هیچکدام

4- احتمالاً از وظایف تاج عصبی (neural crest) اطلاع دارید. با توجه به این موضوع تعیین کنید که کدام یک از موارد زیر از لایه ای که در هنگام نورولاسیون بین neural tube و اپیدرم قرار می گیرد ساخته نمی شوند؟ (1 نمره)

الف) دریچه میترال
ب) ملانوسیت
ج) مدولای فوق کلیه
د) عاج دندان
ه) همه موارد از این گروه تشکیل می شوند

حال در مورد گروه اپی درمی که عاج دندان ها از آن نشأت می گیرند موارد صحیح و غلط را مشخص کنید: (10 نمره)

الف) در طول فرآیند نورولاسیون یک لوله تشکیل می دهند.
ب) در ابتدا و انتهای این گروه سلول ها دو ساختار به نام های anterior and posterior neuropore وجود دارد.
ج) می توان گفت از لحاظ موقعیتی بین یک لایه اپی درم و نوتوکورد قرار دارند.
د) این گروه اپی درمی سلول های c در تیروئید را نیز می سازند.
ه) برآمدگی های اطراف این گروه بعدها به سومایت تبدیل می شوند.

5- همانگونه که مجدداً اطلاع دارید، اسپرمیوژنز 4 فاز دارد: (10 نمره)

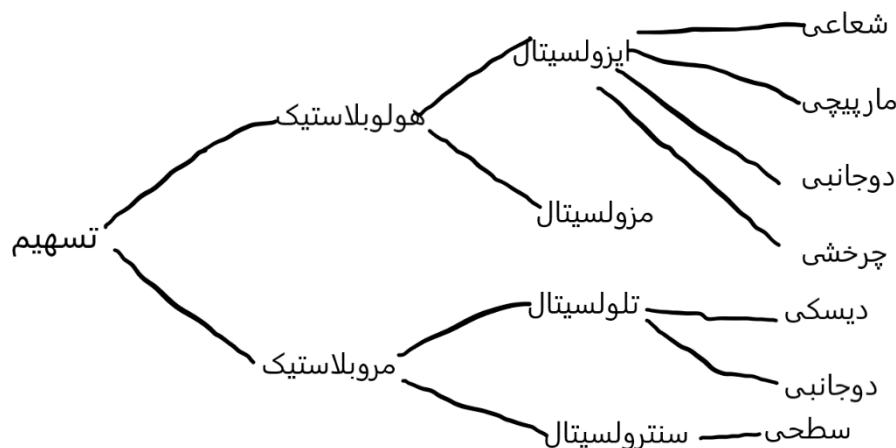
1- فاز گلژی	2- فاز کلاهی	3- فاز آکروزومی	4- فاز بلوغ
الف) 1	ب) 2	ج) 3	د) 4
تعویض هیستون ها با پروتامین در کدام فاز رخ می دهد؟			
الف) 1	ب) 2	ج) 3	د) 4
سلول های سرتولی در کدام فاز اضافات اسپرم را می کنند؟			
الف) 1	ب) 2	ج) 3	د) 4
آکروزوم در کدام فاز شکل کلاهی می گیرد؟			
الف) 1	ب) 2	ج) 3	د) 4
تولید و تغلیظ هیالورونیداز در کدام فاز رخ می دهد؟			
الف) 1	ب) 2	ج) 3	د) 4
اسپرمیوژنز بعد از کدام مورد قرار دارد؟			
الف) اسپرماتوژنز	ب) میوز	ج) اسپرماتوسیتوژنز	د) خودش شامل این سه مرحله می شود.

6- بیماری بچه خوره (hydatiform mole) در اثر لانه گزینی بلاستوسیت حاصله از تخم عقیم در رحم به وجود می‌آید و طی آن یک جفت مهاجم و بدون جنین در رحم شروع به رشد می‌کند که باید سریعاً از رحم خارج شود. در این باره کدام موارد صحیح است؟ (10 نمره)

- الف) جواب تست HCG مثبت است.
 ب) کروموزوم Y می‌تواند در سلول‌های این توده یافت شود.
 ج) در این بیماری تروفوبلاست رشد نمی‌کند.
 د) معمولاً تمام ژن‌های این مول منشأ پدری دارند.
 ه) احتمال متاستاز وجود دارد.

7- انواع مختلف جانوران را با توجه به نوع تسهیم طبق درخت زیر طبقه‌بندی کرده ایم. همچنین 4 جفت جانور در زیر نوشته شده است. جفت‌ها را بر حسب شباهت در امر تسهیم از شبیه‌ترین به متفاوت‌ترین و از راست به چپ مرتب کنید. (14 نمره ، در صورت اشتباه زدن 10 نمره منفی)

جفت ک: زالو و کیتون جفت ل: اسکوئید و ازون برون جفت م: انسان و مورچه جفت ن: وزغ و خیار دریایی



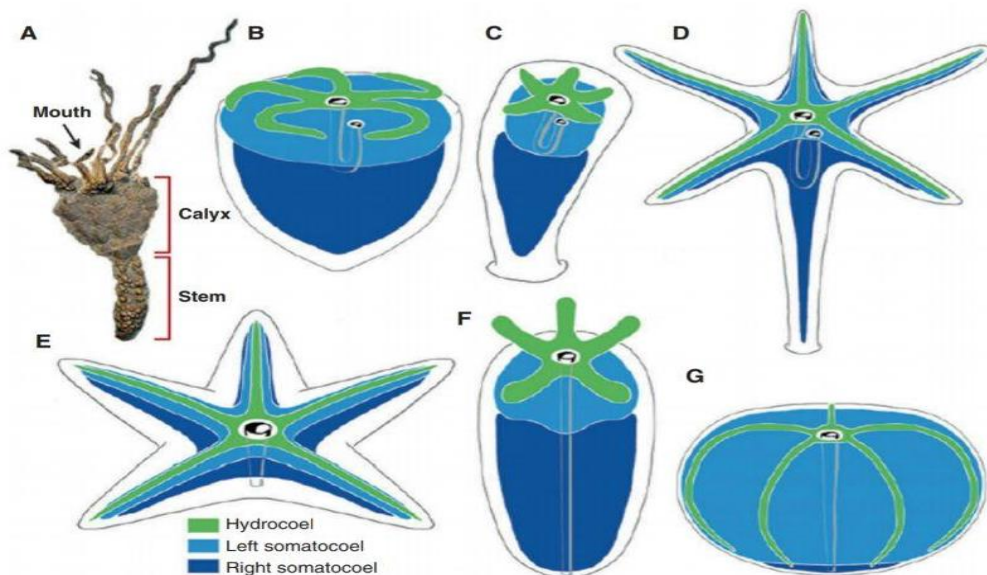
- الف) ک ل م ن
 ب) ل ک م ن
 ج) ک ل م ن
 د) م ن ک ل
 ه) ن م ک ل

8- یکی از جالب‌ترین و عجیب‌ترین مسیله پژوهشگران در سالیان اخیر مسیله تقارن و body plan خارپوستان (echinodermata) بوده است. همانطور که می‌دانید خارپوستان بالغ دارای تقارن شعاعی (غالباً 5تایی) هستند. تقارن شعاعی مناسب‌ترین تقارن برای جانوران ساکن محسوب می‌شود حال آنکه اکثر گونه‌های خارپوست امروزی متحرک هستند. از آنجا که تقارن دو طرفی یک صفت مونوفایلتیک برای جاندارن محسوب می‌شود، می‌بایست در همان کلاد‌های ابتدایی این دسته از جانوران تکامل پیدا کرده باشد. این موضوع باعث شده بود که در ابتدا خارپوستان را کلاد خاوه‌ری کیسه‌تنان (Cnidarians) با نام کلی Radiata قرار دهند که بعدها با مطالعات مولکولی مشخص شد این دسته از جانوران کلاد خاوه‌ری hemicordata هستند و تقارن شعاعی بصورت آنالوگ در این دسته بوجود آمده است.

تعیین محورهای ابتدایی خارپوستان از آنجا که هیچ ناحیه مشخص سر یا تجمع نورون‌های حسی وجود ندارد یکی از چالش‌های مطالعات اخیر بوده است. دو فرضیه اصلی برای حل مسیله هومولوژی محوری خارپوستان با سایر دوتروستوم‌ها وجود دارد:

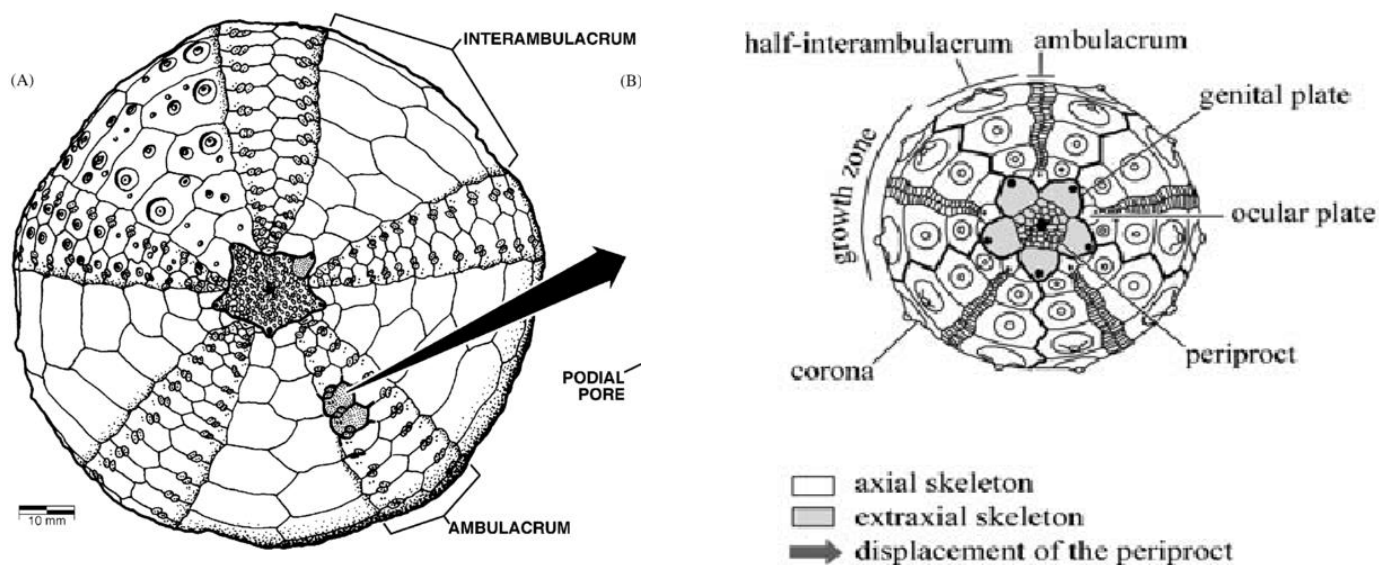
1. فرضیه تجمع سلومی (Coelomic Stacking Hypothesis)
2. فرضیه تشابه هر محور شعاعی (آمبولاکروم) با محور اصلی بدن طنابداران (Rays as the chordate body axis)

* فرضیه تجمع سلومی به ترتیب قرار گیری مشتقات مزودرم (هیدروسل، سوماتوسل و غیره) به عنوان ساختار اصلی برای تعیین محور تاکید دارد
 * فرضیه تشابه هر محور شعاعی با محور اصلی بدن طنابداران ، هر شعاع از بدن خاریوست را که واحد سازنده تقارن در آن است را به عنوان محور



اصلی بدن در نظر گرفته و از این جهت هومولوژی با سایر طنابداران را توجیه می کند

a



با توجه به توضیحات داده شده تعیین کنید هریک از گزاره های زیر مستند بر کدام فرضیه هستند (دو گزینه : مستند بر فرضیه 1 ، مستند بر فرضیه 2) (هرگزاره سه نمره ، نمره منفی برابر با نمره سوال)

1	بیان ژن های هاکس (hox genes) بصورت مقطعی در نواحی مشخص سوماتوسل درحالیکه در دستگاه عصبی و gut بیان مشخصی وجود ندارد
2	بیان ژن های distal-less (ژن هایی که بصورت معمول در limb bud مهره داران و پاروپودیا آنلید ها بیان می شود) در آمبولاکروم.
3	بیان ژن های segmentation و تقسیم بندی (metamerism) در آمبولاکروم (Ambulacrum)
4	اثبات هومولوژی میان هیدروسل و نوتوکورد طنابداران و هومولوژی میان secondary podia و سومایت ها در مهره داران
5	مطالعات فسیل شناختی نشان می دهد گونه های ابتدایی خارپوستان فقط یک آمبولاکروم داشته و تقارن دوطرفی داشته اند
6	مطالعات اخیر نشان داده اند که اسکلت خارپوستان از دو بخش محوری (axial) و غیرمحوری (extraxial) تشکیل شده اند که بخش آمبولاکروم بخش محوری را تشکیل میدهد و با سیستم گردش آب در ارتباط است درحالیکه اسکلت غیرمحوری (extraxial) ، هیدروپور (hydropore) ، گنوپور (gonopore) و سایر منافذ جاندار با بیرون را تشکیل می دهد. بخش محوری هیچ منفذی ندارد. بخش محوری و غیر محوری اسکلت هرکدام با سلوم های خاصی در ارتباط هستند.
7	در خارپوستان امروزی ، 5 آمبولاکروم حاصل Duplication یک آمبولاکروم اجدادی هستند.

** there is a solved example in appendix 1.

** در بخش زیر دو سوال وجود دارد ، سوال اول NJ با 60 نمره و سوال دوم bootstrap resampling با 100 نمره میباشد ، یکی از آنها را به انتخاب خود جواب بدید ، شما از این بخش حداکثر 100 نمره میتوانید کسب کنید ، و در صورت جواب دادن هر دو سوال تنها نمره یک سوال محاسبه میشود.

** in each tree you draw , write all branch lengths and any other data available

9- You are studying 6 newly discovered echinoderm species, first, you've got the distance matrix (table 2) based on the available IHYABB3 gene promoter sequence.

Tab. 2.

distance matrix	A	B	C	D	E
B	22				
C	59	86			
D	97	54	42		
E	75	76	66	51	
F	51	25	19	74	7

- A. Draw the estimated phylogenetic tree based on matrix above in the box below, and indicate each branch length. (you can use the UPGMA method instead, but if you do so, you'll get maximum 10 points) (50 points)



- B. Now that you have the tree , you need to make sure it's a good one , so you use the Fitch-Margoliash method. As you already know it's an optimality-based method in which you compare the primary distance matrix with the distance matrix derived from tree you made , use the formula and tree you made to obtain the E value. (10 points)

$$E = \sum_{i=1}^{T-1} \sum_{j=i+1}^T \frac{(d_{ij} - p_{ij})^2}{d_{ij}^2} \quad (\text{Eq. 11.5})$$

where E is the error of the estimated tree fitting the original data, T is the number of taxa, d_{ij} is the pairwise distance between i th and j th taxa in the original dataset, and p_{ij} is the corresponding tree branch length.

E=

10-You are studying 6 newly discovered echinoderm species. here are 10 SNPs of these species provided in table below.

SNP NO.	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
A	A	A	C	C	G	T	T	C	A	A
B	A	A	C	C	A	T	T	C	A	A
C	A	A	G	C	C	C	T	C	C	A
D	A	T	G	C	A	C	T	C	G	A
E	A	T	T	C	G	C	T	T	G	A
F	A	T	T	C	G	C	G	T	G	C

- A. First make the distance matrix and fill it in the box below. (10 points, A-T & C-G changes make 3 distance, A-C & G-T changes make 5 distance and other changes make 1 distance.)

distance matrix	A	B	C	D	E
B					
C					
D					
E					
F					

B. Now use WPGMA method to make a phylogenetic tree, draw the tree in the box below. (10 points)

C. You want to be know how reliable your tree branches are, so you choose to use bootstrap resampling method, but you are not a computer, so we will make it easier. In bootstap resampling method you choose 10 random SNPs from the first data matrix and draw a tree with them, so first we will do this part. Below you can see 4 data tables which are randomly chosen from the primary table, use them and make phylogenetic trees with WPGMA method. (each tree has 15 points)

SNP NO.	3	4	5	2	3	6	7	7	8	10
A	C	C	G	A	C	T	T	T	C	A
B	C	C	A	A	C	T	T	T	C	A
C	G	C	C	A	G	C	T	T	C	A
D	G	C	A	T	G	C	T	T	C	A
E	T	C	G	T	T	C	T	T	T	A
F	T	C	G	T	T	C	G	G	T	A

SNP NO.	1	1	2	4	5	8	10	6	8	9
A	A	A	A	C	G	C	A	T	C	A
B	A	A	A	C	A	C	A	T	C	A
C	A	A	A	C	C	C	A	C	C	C
D	A	A	T	C	A	C	A	C	C	G
E	A	A	T	C	G	T	A	C	T	G
F	A	A	T	C	G	T	A	C	T	G

SNP NO.	6	7	8	9	8	9	10	3	4	5
A	T	T	C	A	C	A	A	C	C	G
B	T	T	C	A	C	A	A	C	C	A
C	C	T	C	C	C	C	A	G	C	C
D	C	T	C	G	C	G	A	G	C	A
E	C	T	T	G	T	G	A	T	C	G
F	C	G	T	G	T	G	A	T	C	G

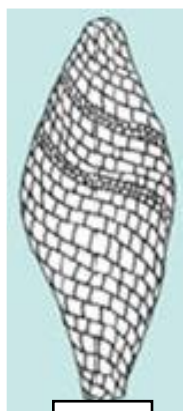
SNP NO.	7	8	2	2	3	8	9	3	9	8
A	T	C	A	A	C	C	A	C	A	C
B	T	C	A	A	C	C	A	C	A	C
C	T	C	A	A	G	C	C	G	C	C
D	T	C	T	T	G	C	G	G	G	C
E	T	T	T	T	T	T	G	T	G	T
F	G	T	T	T	T	T	G	T	G	T

D. Now draw the exact same tree you drew in part B. then write the bootstrapping values next to each branch. In terms of your phylogenetic tree, the bootstrapping values indicates how many times out of 100 (in our case , we had only 4 re-sampled data, so your value can be 0,25,50,75 or 100) the same branch was observed when repeating the phylogenetic reconstruction on a re-sampled set of your data. (20 points)

۱۱- با توجه به اطلاعات خود در مورد تکامل تقارن خارپوستان ترتیب زمانی فسیل های زیر را از قدیم به جدید مرتب کنید (۱۹ نمره)
(معیار اصلی برای تعیین زمان فسیل نوع تقارن است)



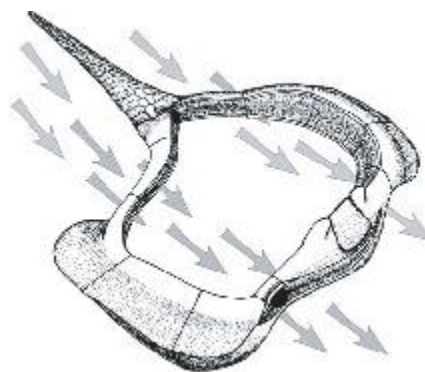
E



D



C



B



A

Appendix 1

	Cycle 1	Cycle 2	Cycle 3	Cycle 4	Cycle 5
Distance matrix	$\begin{array}{c cccc} & A & B & C & D & E \\ \hline B & 5 & & & & \\ C & 4 & 7 & & & \\ D & 7 & 10 & 7 & & \\ E & 6 & 9 & 6 & 5 & \\ F & 8 & 11 & 8 & 9 & 8 \end{array}$	$\begin{array}{c ccc} & U_1 & C & D & E \\ \hline C & 3 & & & \\ D & 6 & 7 & & \\ E & 5 & 6 & 5 & \\ F & 7 & 8 & 9 & 8 \end{array}$	$\begin{array}{c ccc} & U_1 & C & U_2 \\ \hline C & 3 & & \\ U_2 & 3 & 4 & \\ F & 7 & 8 & 6 \end{array}$	$\begin{array}{c cc} & U_2 & U_3 \\ \hline U_3 & 2 & \\ F & 6 & 6 \end{array}$	$\begin{array}{c c} & U_4 \\ \hline F & 5 \end{array}$
Step 1					
S calculations	$S_A = (5+4+7+6+8)/4 = 7.5$ $S_B = (5+7+10+9+11)/4 = 10.5$ $S_C = (4+7+7+6+8)/4 = 8$ $S_D = (7+10+7+5+9)/4 = 9.5$ $S_E = (6+9+6+5+8)/4 = 8.5$ $S_F = (8+11+8+9+8)/4 = 11$	$S_{U_1} = (3+6+5+7)/3 = 7$ $S_C = (3+7+6-8)/3 = 8$ $S_D = (6+7+5+9)/3 = 9$ $S_E = (5+6+5+8)/3 = 8$ $S_F = (7+8+9+8)/3 = 10.6$	$S_{U_1} = (3+3+7)/2 = 6.5$ $S_C = (3+4+8)/2 = 7.5$ $S_{U_2} = (3+4+6)/2 = 6.5$ $S_F = (7+8+6)/2 = 10.5$	$S_{U_2} = (2+6)/1 = 8$ $S_{U_3} = (2+6)/1 = 8$ $S_F = (6+6)/1 = 12$	Because $N-2=0$, we cannot do this calculation.
Step 2					
Calculate pair with smallest (M), where $M_{ij} = D_{ij} - S_i - S_j$.	Smallest are $M_{AB} = 5 - 7.5 - 10.5 = -13$ $M_{DE} = 5 - 9.5 - 8.5 = -13$ Choose one of these (AB here).	Smallest is $M_{CU_1} = 3 - 7 - 8 = -12$ $M_{DE} = 5 - 9 - 8 = -12$ Choose one of these (DE here).	Smallest is $M_{CU_1} = 3 - 6.5 - 7.5 = -11$	Smallest is $M_{U_2F} = 6 - 8 - 12 = -14$ $M_{U_3F} = 6 - 8 - 12 = -14$ $M_{U_2U_3} = 2 - 8 - 8 = -14$ Choose one of these ($M_{U_2U_3}$ here).	
Step 3					
Create a node (U) that joins pair with lowest M_{ij} such that $S_U = D_{ij}/2 + (S_i - S_j)/2$.	U_1 joins A and B: $S_{AU_1} = D_{AB}/2 + (S_A - S_B)/2 = 1$ $S_{BU_1} = D_{AB}/2 + (S_B - S_A)/2 = 4$	U_2 joins D and E: $S_{DU_2} = D_{DE}/2 + (S_D - S_E)/2 = 3$ $S_{EU_2} = D_{DE}/2 + (S_E - S_D)/2 = 2$	U_3 joins C and U_1 : $S_{CU_3} = D_{CU_1}/2 + (S_C - S_{U_1})/2 = 2$ $S_{U_1U_3} = D_{CU_1}/2 + (S_{U_1} - S_C)/2 = 1$	U_4 joins U_2 and U_3 : $S_{U_2U_4} = D_{U_2U_3}/2 + (S_{U_2} - S_{U_3})/2 = 1$ $S_{U_3U_4} = D_{U_2U_3}/2 + (S_{U_3} - S_{U_2})/2 = 1$	For last pair, connect U_4 and F with branch length = 5.
Step 4					
Join i and j according to 5 above and make all other taxa in form of a star. Branches in black are of unknown length. Branches in red are of known length.					
Step 5					
Calculate new distance matrix of all other taxa to U with $D_{xU} = D_{ix} + D_{jx} - D_{ij}$, where i and j are those selected from above.					
Comments					Note this is the same tree we started with (drawn in unrooted form here).

From <http://www.icp.ucl.ac.be/~opperd/private/upgma.html>.