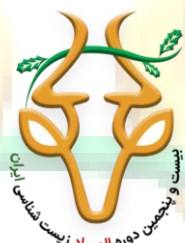


باسمه تعالی



آزمون اکولوژی - تکامل - بیوانفورماتیک

نام و نام خانوادگی:	شماره داوطلبی:
تعداد سوالات: ۳۵ (۵۶)	تاریخ آزمون: ۱۱ شهریور ۱۴۰۱
مدت پاسخگویی: ۲۷۰ دقیقه	
<p>❖ استفاده از ماشین حساب و خط کش مجاز است .</p> <p>❖ برای تصاویر سوالات، در صورت لزوم به پیوست تصاویر رنگی که جداگانه در اختیارتان قرار می‌گیرد، مراجعه نمایید.</p> <p>❖ پاسخ های خود را در جایگاه‌های مشخص شده در همین دفترچه بنویسید.</p> <p>❖ در سوالات تک گزینه ای فقط دور پاسخ درست دایره بکشید و در سوالات درست/نادرست در ستون مربوط علامت مشخص * یا + بزنید.</p> <p>❖ امتیاز مثبت و منفی سوالات و نحوه امتیازدهی هر کدام در مقابل یا ذیل هر سوال ارائه شده است .</p> <p>❖ هر امتیاز معادل ۱/۰ درصد از کل است.</p> <p>❖ در سؤالات مبتنی بر فرض، از فرض اضافی خودداری نموده و محتمل‌ترین گزینه یا حالت را در نظر بگیرید.</p> <p>❖ طراحی سؤالات توسط اساتید دوره آموزشی و زیر نظر کمیته زیست‌شناسی انجام شده است.</p> <p>❖ پاسخ‌دهی به سوالات بر اساس منابع آموزشی تدریس یا معرفی شده ویژه هر درس باشد.</p> <p>❖ جدول زیر را خوش خط و واضح با دست خط خود برای آشنایی با الگوی عددی ۰ تا ۹ تکمیل نمایید تا به عنوان معیار تصحیح اعداد به کار رود.</p>	
فارسی	
انگلیسی	

ردیف	مواد امتحانی	تعداد سوال	شماره سوالات	زمان پیشنهادی	درصد	مجموع امتیاز	شماره صفحه
۱	تکامل و رفتار شناسی	۱۰ (۱۳)	۱-۱۰	۴۵	۷	۷۰	۱-۱۳
۲	اکولوژی	۵ (۱۳)	۱۱-۱۵	۸۵	۷/۵	۷۵	۱۴-۳۰
۳	بیوانفورماتیک مبانی تئوری آزمایشگاه	۵ (۱۲)	۱۶-۲۰	۵۰	۳/۵	۳۵	۳۱-۴۸
۴	بیوانفورماتیک پیشرفته	۴	۲۱-۲۴	۵۰	۴	۴۰	۴۹-۵۹
۵	آمار زیستی و اپیدمیولوژی	۹	۲۵-۳۳	۲۵	۳	۳۰	۶۰-۶۴
۶	سایکوفیزیک	۲ (۵)	۳۴-۳۵	۱۵	۱	۱۰	۶۵-۷۲

حق چاپ و تکتیر سوالات به هر روش (الکترونیکی و غیره) پس از برگزاری آزمون برای تمامی اشخاص حقیقی و حقوقی مجاز نمی‌باشد و با متخلفین برابر مقررات رفتار می‌شود.

تکامل و رفتارشناسی / ۷۰ امتیاز (هر امتیاز معادل ۱٪ نهایی)

فرمول‌های ریاضی مورد نیاز

$$p = x + y/2, \quad q = 1 - p, \quad \bar{w} = xw_{11} + yw_{12} + zw_{22}, \quad x' = xw_{11}/\bar{w}, \quad y' = yw_{12}/\bar{w}, \quad z' = zw_{22}/\bar{w}$$

$$x = p^2, \quad y = 2pq, \quad z = q^2, \quad \bar{w} = p^2w_{11} + 2pqw_{12} + q^2w_{22}, \quad p' = \frac{p}{\bar{w}}(pw_{11} + qw_{12})$$

$$\Delta p = p' - p = \frac{pq}{\bar{w}}[p(w_{11} - w_{12}) - q(w_{22} - w_{12})], \quad \hat{p} = \frac{w_{22} - w_{12}}{w_{11} - 2w_{12} + w_{22}}$$

$$A_1 \xrightarrow{u} A_2, \quad w_{11} = w_{12} = 1, \quad 0 \leq w_{22} < 1 : \quad \hat{q} \approx \sqrt{\frac{u}{1 - w_{22}}}$$

$$A_1 \xrightarrow{u} A_2, \quad w_{11} = 1, \quad 0 \leq w_{12} = w_{22} < 1 : \quad \hat{q} \approx \frac{u}{1 - w_{22}}$$

$$H' = H \left(1 - \frac{1}{2N}\right), \quad N_e = \frac{4N_m N_f}{N_m + N_f}, \quad N_e = \frac{t}{\frac{1}{N_1} + \frac{1}{N_2} + \dots + \frac{1}{N_t}}, \quad \hat{H} = \frac{4N_e u}{1 + 4N_e u}$$

$$w_{11} = 1 + s, \quad w_{12} = 1 + s/2, \quad w_{22} = 1, \quad \pi(p) = \frac{1 - e^{-2N_e s p}}{1 - e^{-2N_e s}}$$

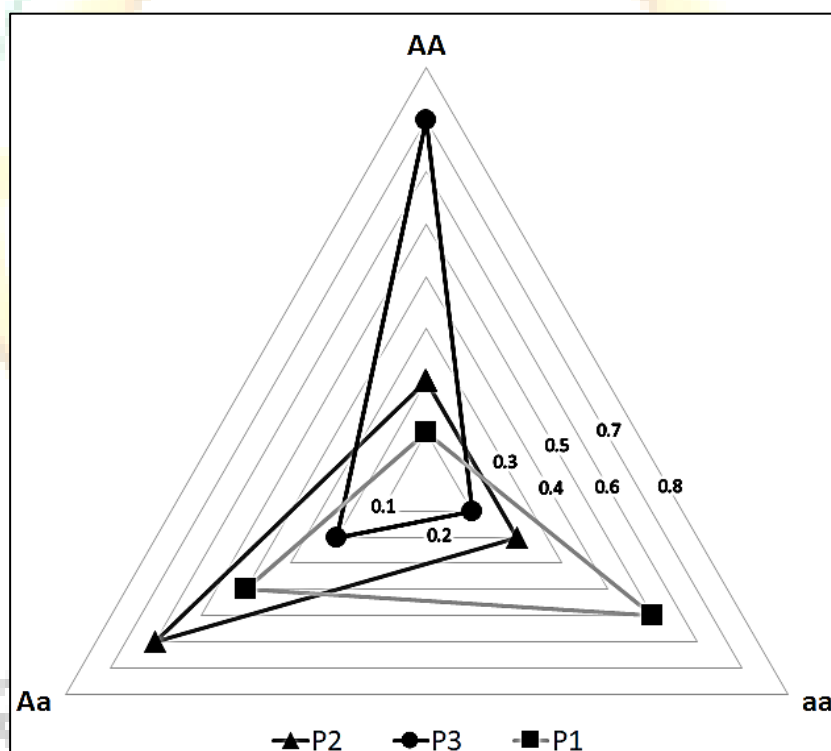
$$p = \frac{1}{2N}, \quad N_e \approx N, \quad s > 0 : \quad \pi \approx s, \quad \bar{t} \approx \frac{4 \ln(2N)}{s}, \quad K \approx 2Nu_b s$$

$$p = \frac{1}{2N}, \quad N_e \approx N, \quad s = 0 : \quad \pi \approx \frac{1}{2N}, \quad \bar{t} \approx 4N, \quad K \approx u_n$$

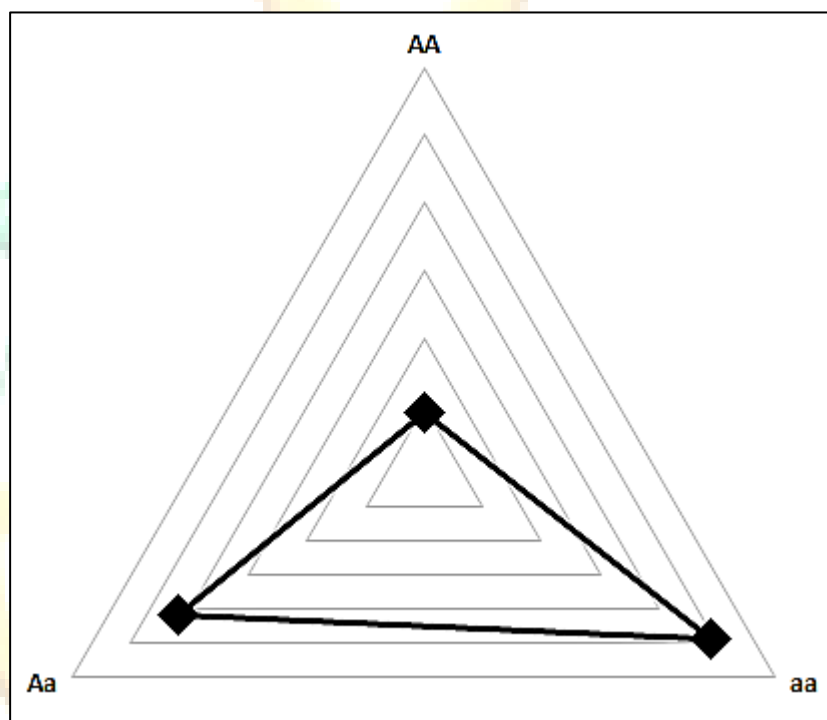
$$P_{(i=A)} = \binom{2N}{i} p^i q^{2N-i} \quad \Delta \bar{Z} = \bar{Z}' - \bar{Z} = h^2 S = G\beta$$

$$G = h^2 V_p$$

پرسش ۱) ژن الف حاوی دو آلل A و a بوده که آلل A بر a غالب است. این ژن وظیفه خاصی بر عهده نداشته و به طور کلی انتخاب طبیعی بر روی آن اثر نمی‌کند. گروهی از دانش پژوهان برای بررسی این فرضیه که آیا این ژن از مدل هاردی-واینبرگ پیروی می‌کند، سه جمعیت متفاوت از نوعی گیاه را مورد بررسی قرار دادند. برای هر سه جمعیت، فراوانی افراد با ژنوتیپ‌های AA، Aa، aa اندازه‌گیری شد و به شکل نمودار مثلثی به نمایش در آمد. در این نوع نمودار، یک مثلث رسم شده که هر راس آن مربوط به یک ژنوتیپ است. سپس مثلث‌های کوچکتر درون آن رسم می‌گردند. هر مثلث، نشان دهنده مقداری از فراوانی ژنوتیپی است، به طوری که مثلث‌های مرکزی کمتری را نشان می‌دهند. سپس، با توجه به فراوانی هر ژنوتیپ، مثلث مربوطه انتخاب شده و نقطه‌ای بر روی راس مربوط به ژنوتیپ قرار می‌گیرد. این کار برای همه ژنوتیپ‌ها انجام شده و در نهایت نقاط به هم وصل می‌شوند تا مثلثی اختصاصی برای هر جمعیت رسم شود. در شکل زیر، سه جمعیت P1، P2، P3 مورد بررسی قرار گرفته‌اند:



همچنین، دانش پژوهی برای یکی از جمعیت ها، فراوانی های ژنوتیپی مورد انتظار هاردی واینبرگ را محاسبه کرد و آن ها را در یک نمودار مثلثی به نمایش در آورده است:

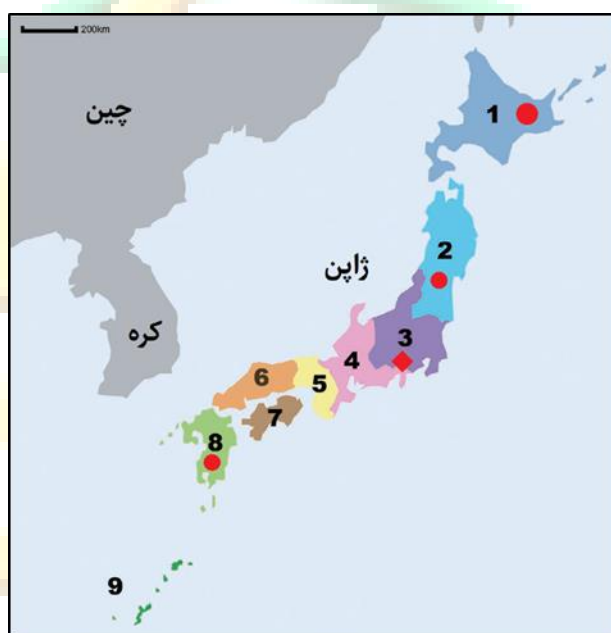


با توجه به مطالب بالا و دانسته های خود، درستی یا نادرستی گزاره های زیر را مشخص کنید.

(درست/نادرست، ۶ امتیاز، هر مورد ۱/۵ امتیاز، هر مورد نادرست منفی ۰/۵)

گزاره	درست	نادرست
I. ساختار ژنتیکی (فراوانی ژنوتیپ های مختلف) جمعیت P1 به P2 نسبت به P3 نزدیک تر است.		
II. جمعیت P2 با میزان هتروزیگوسیتی مشاهده شده 0.42، بیشترین تنوع ژنتیکی را داراست.		
III. نمودار مثلثی نشان داده شده در شکل دوم، مربوط به جمعیت P2 است.		
IV. فراوانی ال A در جمعیت P2 از P1 بیشتر است.		

پرسش ۲) یکی از جالب ترین پدیده های مهاجرتی در انسان، آغاز تمدن ژاپن است. گفته می شود، اولین انسان ها از شرق آسیا خود را به مجمع الجزایر ژاپن رساندند و در آن گسترش یافتند. طبق آخرین یافته ها، اولین آثار مهاجرت به ژاپن، به سال های پیش از میلاد بر می گردد. شما در ابتدا، اطلاعاتی در مورد این مهاجرت به دست آورده و سپس جوانب مختلفی را بررسی می کنید. ژاپن را به ۹ بخش کلی تقسیم کرده و جمعیت مادر آسیایی را به عنوان چین و کره می شناسیم.



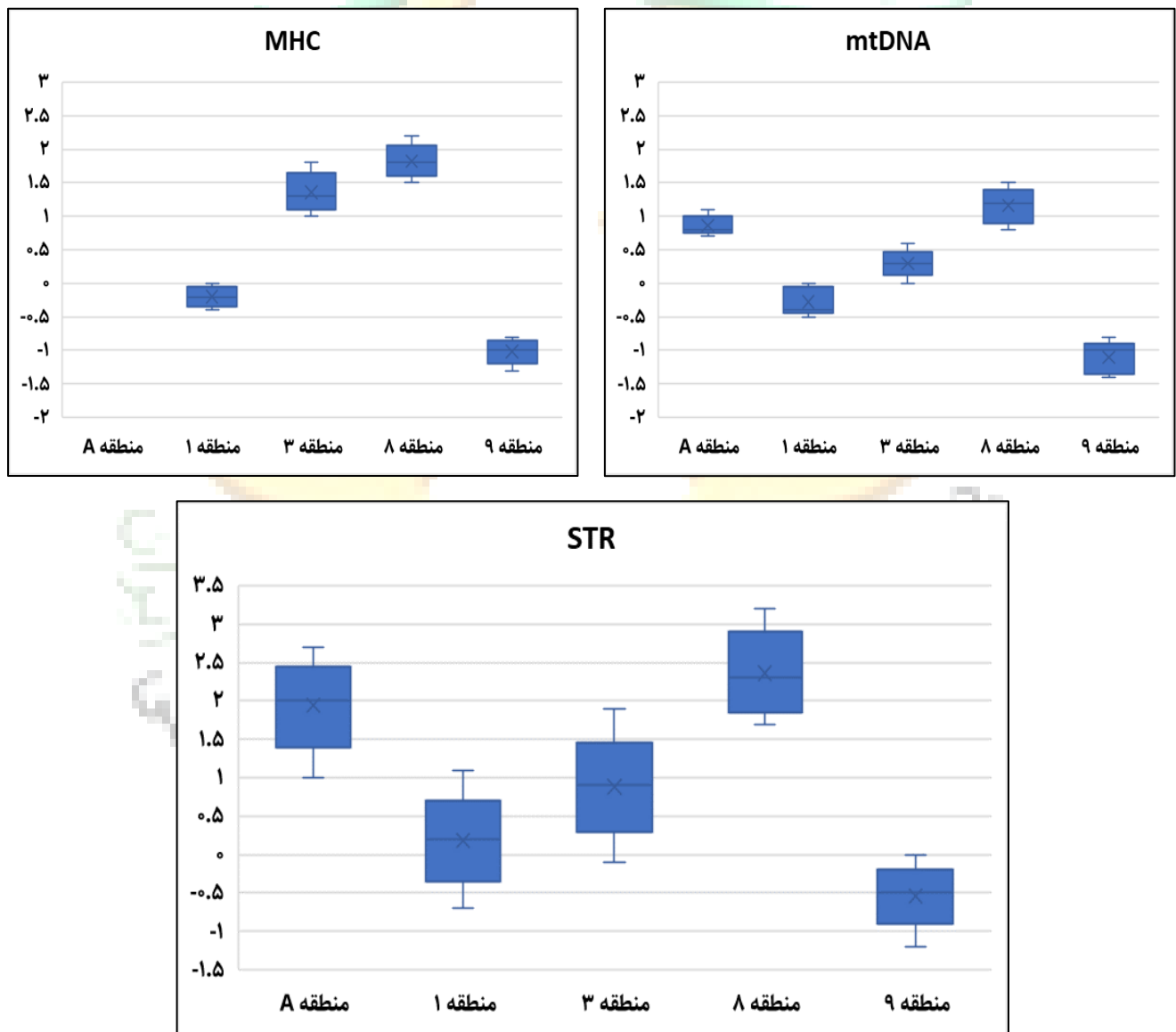
همچنین، ژاپن جزیره ای آتشفشانی بوده و شرایط محیطی آن در مناطق مختلف متفاوت است. آتشفشان های اصلی آن با دایره بر روی نواحی مختلف نشان داده شده اند. بزرگترین آتشفشان ژاپن، کوه فوجی، با لوزی نمایش داده شده است. برای راحتی، فرض می کنیم که آتشفشان ها تا قبل ورود انسان ها فعال بوده و پس از ورود آن ها دیگر فعالیت جدی نداشته اند.

از نظر آب و هوایی، منطقه ۱ سردسیر بوده، زمستان های برفی و تابستان های معتدل دارد اما منطقه ۹، جزو جزیره های گرمسیری بوده، در زمستان معتدل و در تابستان گرم و مرطوب با آب و هوای استوایی در نظر گرفته می شود. گفته می شود، پس از ورود اجداد ژاپنی ها به جزیره، به دنبال تغییرات آب و هوا، آن ها به مکان هایی از جزیره که دمای مناسب تری برای سکونت داشتند، مهاجرت کردند. به طوری که پخش شدن در کل ۸ بخش اصلی ژاپن، حدود ۶ ماه زمان برد.

برای سادگی، هر ۹ بخش ژاپن را جزایری متفاوت و مهاجرت از یک منطقه به منطقه دیگر را مانند مهاجرت از جزیره ای به جزیره دیگر در نظر بگیرید. همچنین در این سوالات، کلیه شرایط فرهنگی و سیاسی را در نظر نگرفته و صرفاً انسان ها را به شکل گونه ای از جانوران مهاجرت کننده در نظر بگیرید. توجه کنید مهاجرت به ژاپن تنها در یک نقطه ورود صورت گرفته است.

ابتدا به سراغ بررسی تنوع ژنتیکی جمعیت انسان ها در مناطق مختلف ژاپن رفتیم. به وسیله استخراج نمونه های DNA از اجساد قدیمی که در معابد یافت شدند، سه معیار تنوع ژنتیکی برای هر جمعیت محاسبه شد. ابتدا، تنوع لوکوس های اتوزومی MHC (major histocompatibility complex) مورد بررسی قرار گرفت. همچنین چندین لوکوس مختلف STR در کروموزم های ۱ و ۳

شناسایی شدند و تعداد آلل‌های مختلف آن‌ها در هر جمعیت شمرده شد. در نهایت، تعداد هاپلوتیپ‌های mtDNA (ژنوم میتوکندری) مورد بررسی قرار گرفتند. همه نتایج تنوع ژنتیکی به وسیله امتیاز استاندارد (z-score) استاندارد سازی شده اند تا بین لوکوس‌های مختلف قابل مقایسه باشند. نتایج این بررسی، برای چند منطقه در زیر آورده شده است: مناطق مشخص شده با عدد، طبق مناطق نقشه بوده اما منطقه مشخص شده با A، نامعلوم است و MHC آن اندازه گیری نشده است.



با توجه به نتایج بالا و دانسته های خود، درستی یا نادرستی ۷ گزاره زیر را مشخص کنید .

(درست/ نادرست، ۷ امتیاز، هر مورد ۱ امتیاز، هر مورد نادرست منفی ۰/۵)

گزاره	درست	نادرست
I. اولین اجداد ژاپنی ها از شمال شرقی چین وارد ژاپن شدند.		
II. از میان دو منطقه ۲ و ۵، منطقه A همان منطقه ۵ است.		
III. اولین اجداد انسان ها در ابتدای تابستان وارد ژاپن شدند.		
IV. در جمعیت های مهاجر اولیه، زنان بیشتری نسبت به مردان حضور داشته اند.		
V. می توان گفت منطقه ۹، آخرین منطقه ای است که توسط اجداد ژاپنی ها کلونیزه شده است.		
VI. انتظار داریم، ژاپنی های منطقه ۳، مقاومت بالاتری نسبت به پاتوژن ها در مقایسه با منطقه ۹ داشته باشند.		
VII. با توجه به کمبود غذا در ژاپن، کشاورزی مهم ترین منبع غذایی اجداد ژاپنی ها محسوب می شود. انتظار داریم، بزرگترین تمدن های اولیه ژاپنی، در نزدیکی آتشفشان ها احداث شده باشند.		

پرسش ۳) دانشمند برجسته، ریچارد داوکینز، در سال ۱۹۷۶ اصطلاحی به نام Meme (میم) را پایه گذاری کرد. جالب است بدانید که این اصطلاح از روی کلمه Gene (ژن) برگرفته شده است. میم به یک مفهوم یا منطق در ذهن انسان گفته می شود. برای مثال اگر دوستان به شما بگویند که "راز سلامتی، خوردن روزانه یک سیب است"، این منطق در ذهن شما شکل گرفته و می توان آن را یک میم در نظر گرفت.

حال، شما ممکن است آن را به شخص دیگری بگویید یا به عبارتی، این میم (ژن) تکثیر شده و به شخص دیگری انتقال پیدا کند (توارث). همچنین، ممکن است آن را تغییر دهید (مثلاً بگویید راز سلامتی در دو سیب (!) است) و میم جهش پیدا کند! میم همچنین می تواند به یک مجموعه مشخص از رفتار ها برگردد. مثلاً شیوه درست کردن نیمرو که از مراحل مختلفی تشکیل شده است (برداشتن تخم مرغ، گرم کردن ماهیتابه و ...) به صورت یک میم در ذهن شما وجود دارد.

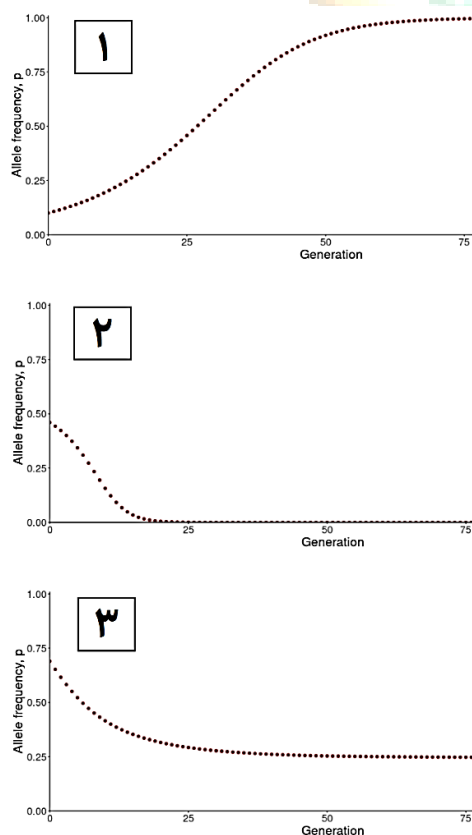
جالب است بدانید که فرایندی مشابه انتخاب طبیعی برای میم ها نیز تعریف می شود. برای مثال، اگر شما در درست کردن نیمرو تغییری ایجاد کنید (فلفل بزنید!) و ببینید که نتیجه آن طعمی بهتر است (شایستگی بالاتر)، آن روش جدید (الل جدید) را به بقیه نیز انتقال داده که جایگزین میم فعلی (الل فعلی) آن ها می شود. بدین ترتیب، می تواند یک میم که شایستگی بالایی دارد در جمعیت پخش شود و فراوانی آن افزایش یابد.

برعکس، میم هایی که سازگاری کمتری دارند، کمتر منتقل شده و طی زمان از دست خواهند رفت. حتی رانش ژنی نیز برای میم ها تعریف می شود اما در این سوال، از آن صرف نظر می کنیم.

در اینجا اثر انتخاب طبیعی را بر روی میمی دیپلوئیدی بررسی می کنیم: بهتر بودن علم یا ثروت است! علم، الل A و ثروت الل B محسوب شده و افراد می توانند سه باور داشته باشند. بعضی تنها علم را بهتر می دانند (AA)، بعضی تنها ثروت (BB) و بعضی باور دارند که هر دو باید وجود داشته باشند (AB).

تمامی افراد سعی بر انتقال هر آلل باور خود به دیگران داشته و هیچ گونه تبعیضی در زوج صورت نمی گیرد. شایستگی AA برابر ۰/۸۵، شایستگی BB برابر ۰/۷۲ و شایستگی AB برابر ۱ است. همچنین در این سوال، اثر A بر B را غالب در نظر بگیرید.

پرسش ۳- الف) اثر انتخاب طبیعی بر نوعی ژن با دو آلل C و c بررسی شد و فراوانی آلل C طی نسل ها به صورت نمودار کشیده شد. اگر نوع انتخاب طبیعی حاکم بر این ژن همان نوعی باشد که بر روی میم مدنظر ما عمل می کند، نمودار مربوطه ژن C بین سه نمودار رو به رو را پیدا کرده و شماره آن را در جدول زیر وارد کنید.



(تک پاسخ انتخاب شماره نمودار، ۲ امتیاز، امتیاز منفی ندارد)

نمودار صحیح	نمودار ۳
-------------	----------

پرسش ۳- ب) فراوانی تعادلی ال B را محاسبه کرده، در ۱۰۰ ضرب کنید و تا دو رقم اعشار گرد و وارد نمایید.

(تک پاسخ عددی، ۳ امتیاز، امتیاز منفی ندارد)

0.3488	فراوانی تعادلی ال B
34.88	
۰/۳۵ ۳۵	

پرسش ۴) دو جمعیت از کرم (*Caenorhabditis elegans*) را در طی ۱۰ نسل در طبیعت دنبال کردیم: جمعیت این کرم، که توسط سیدنی پریر در دهه ۷۰ میلادی به عنوان مدلی برای پژوهش در باب تکوین و عصب‌شناسی پیشنهاد شد، متشکل از جانداران هرمافرودیت و دیپلوید است.

	۱	۲	۳	۴	۵	۶	۷	۸	۹	۱۰
جمعیت ۱	13	96	47	79	46	93	11	49	69	41
جمعیت ۲	78	95	64	93	49	93	73	57	47	72

جمعیت ۱	۳۲/۸۹۸ ۳۲/۹ ۳۲/۹۰ ۳۳
جمعیت ۲	۶۷/۸۹۱ ۶۷/۸۹ ۶۷/۹ ۶۸

پرسش ۴ - الف) اندازه مؤثر جمعیت (N_e) را برای این دو جمعیت محاسبه کنید:

(تک پاسخ عددی در هر خانه ، ۴ امتیاز، هر مورد ۲ امتیاز، امتیاز منفی ندارد)

اندازه مؤثر جمعیت (N_e)

پرسش ۴- ب) در خصوص دو جمعیت فوق، درستی یا نادرستی گزاره‌های زیر را مشخص کنید.

(درست/نادرست، ۶ امتیاز، هر مورد ۱/۵ امتیاز، هر مورد نادرست منفی ۰/۵)

گزاره	درست	نادرست
I. اندازه مؤثر جمعیت محاسبه شده برای این دو جمعیت، منعکس کننده تعداد متوسط هرمافرودیت‌های موجود در جمعیت در طی این ۱۰ نسل است.		
II. بر اساس اندازه مؤثر جمعیت، انتظار انتظار داریم تا هتروزیگوسیتی در جمعیت ۱ کندتر از هتروزیگوسیتی در جمعیت ۲ کاهش یابد.		
III. زمان متوسط تثبیت جهشی خنثی در جمعیت ۲ (در واحد نسل) بیش از ۲ برابر زمان متوسط تثبیت جهشی خنثی در جمعیت ۱ است.		
IV. در جمعیت ۱، جهشی که شایستگی را 0.1% افزایش دهد را می‌توان عملاً مانند جهشی خنثی تصور کرد.		

پرسش ۵) روش‌های مختلفی برای شناسایی رد پای انتخاب طبیعی در توالی پروتئین وجود دارد. یکی از روش‌های توسط میاتا و یاسوناگا در ۱۹۸۰ میلادی معرفی شد؛ در این روش، برای مقایسه توالی آمینواسیدی دو ژن، گام‌های زیر را بر می‌داریم:

روش میاتا و یاسوناگا (۱۹۸۰)	
گام نخست	تعداد جایگاه‌های هم‌معنی (N_S) و غیرهم‌معنی (N_A) را برای هر یک از توالی‌ها محاسبه کنید. اگر i جهش توالی آمینواسیدی یک جایگاه را تغییر ندهد، آنگاه $\frac{i}{3}$ به تعداد جایگاه‌های هم‌معنی افزوده می‌شود و $\frac{(3-i)}{3}$ به تعداد جایگاه‌های غیرهم‌معنی افزوده می‌شود. برای مثال در رمزه (کدون) TTT، دو جایگاه نخست غیرهم‌معنی هستند و جایگاه سوم، $\frac{1}{3}$ هم‌معنی و $\frac{2}{3}$ غیر هم‌معنی هست.
گام دوم	میانگین N_A و N_S برای دو توالی محاسبه کنید. در گام پنجم از این میانگین‌ها استفاده کنید.
گام سوم	تفاوت‌های میان این دو توالی را به دو دسته تفاوت‌های هم‌معنی و غیر هم‌معنی تقسیم می‌کنیم.
گام چهارم	برای رمزه‌هایی که در بیش از یک جایگاه متفاوت هستند، مسیرهای ممکن که دو رمزه را به هم مرتبط می‌کنند را در نظر بگیرید. به عنوان مثال، اگر رمزه نخست در توالی اول CCC (آمینو اسید پرولین) و در توالی دوم CAA (گلوتامین) باشد، دو مسیر با جهش‌های جایگزینی برای تبدیل این دو رمزه به هم ممکن است: Pathway I: CCC (Pro) \leftrightarrow CCA (Pro) \leftrightarrow CAA (Gln) Pathway II: CCC (Pro) \leftrightarrow CAC (His) \leftrightarrow CAA (Gln) (توجه کنید که هر جهش، صرفاً یکی از جایگاه‌ها را تغییر داده است و تنها کوتاهترین مسیرها را در نظر می‌گیریم) در مسیر نخست، یک جهش هم‌معنی و یک جهش غیر هم‌معنی رخ می‌دهد و در مسیر دوم، دو جهش غیر هم‌معنی. پس تعداد تفاوت‌های هم‌معنی در مقایسه این دو رمزه، $\frac{(1+0)}{2}$ و تفاوت‌های غیر هم‌معنی برابر با $\frac{(1+2)}{2}$ خواهد بود. جمع تفاوت‌های غیر هم‌معنی میان دو توالی را با M_A و جمع تفاوت‌های هم‌معنی میان دو توالی را با M_S نشان می‌دهیم.
گام پنجم	تعداد تفاوت‌های هم‌معنی به ازای جایگاه هم‌معنی برابر است با $K_S = M_S/N_S$ و تعداد تفاوت‌های غیر هم‌معنی به ازای جایگاه غیرهم‌معنی برابر است با $K_A = \frac{M_A}{N_A}$.

نکته: در گام چهارم، مسیرهایی که شامل رمزه پایان هستند را نادیده بگیرید.

هم معنی و غیرهم معنی بودن تغییرات در رمزه‌ها را با مراجعه به جدول زیر مشخص کنید:

		Second								
		U		C		A		G		
First	U	UUU	Phe	UCU	Ser	UAU	Tyr	UGU	Cys	Third U C A G
		UUC	Phe	UCC	Ser	UAC	Tyr	UGC	Cys	
		UUA	Leu	UCA	Ser	UAA	Stop	UGA	Stop	
		UUG	Leu	UCG	Ser	UAG	Stop	UGG	Trp	
	C	CUU	Leu	CCU	Pro	CAU	His	CGU	Arg	U C A G
		CUC	Leu	CCC	Pro	CAC	His	CGC	Arg	
		CUA	Leu	CCA	Pro	CAA	Gln	CGA	Arg	
		CUG	Leu	CCG	Pro	CAG	Gln	CGG	Arg	
	A	AUU	Ile	ACU	Thr	AAU	Asn	AGU	Ser	U C A G
		AUC	Ile	ACC	Thr	AAC	Asn	AGC	Ser	
		AUA	Ile	ACA	Thr	AAA	Lys	AGA	Arg	
		AUG	Met	ACG	Thr	AAG	Lys	AGG	Arg	
	G	GUU	Val	GCU	Ala	GAU	Asp	GGU	Gly	U C A G
		GUC	Val	GCC	Ala	GAC	Asp	GGC	Gly	
		GUA	Val	GCA	Ala	GAA	Glu	GGA	Gly	
		GUG	Val	GCG	Ala	GAG	Glu	GGG	Gly	

پرسش ۵- الف) دو توالی زیر، بخشی از ژن سلولاز در دو گونه نماتد را نشان می‌دهد. مقادیر K_S و K_A و نسبت این دو کمیت را با استفاده از الگوریتم میاتا و یاسونگا که در جدول فوق توضیح داده شده برای این توالی‌ها محاسبه کنید.

(پاسخ عددی در هر خانه، 6 امتیاز، هر مورد ۲ امتیاز، امتیاز منفی ندارد)

5' – CUU – GUC – AAU – GGU – 3'
5' – AUA – UCU – GAU – GGG – 3'

K_S	0.947, 0.95
K_A	0.453, 0.45
K_A/K_S	0.478, 0.47, 0.474

پرسش ۵- ب) درستی یا نادرستی گزاره‌های زیر را مشخص کنید.

(درست/نادرست، ۶ امتیاز، هر مورد ۱/۵ امتیاز، هر مورد نادرست منفی ۰/۵)

گزاره	درست	نادرست
I. دو توالی ژن سلولاز مورد بررسی ما، نشان از انتخاب مثبت (Positive selection) دارد.		
II. در روش میاتا و یاسوناگا، امکان وقوع جهش‌های پیاپی در یک جایگاه را در نظر نمی‌گیریم.		
III. بر اساس نظریه خنثای تکامل مولکولی، K_s برابر با نرخ جهش خنثی خواهد بود.		
IV. در غالب ژن‌ها، انتظار داریم که $K_A/K_S \ll 1$.	?	

پرسش ۶) درستی یا نادرستی گزاره‌های زیر در باب مفهوم ساعت مولکولی را مشخص کنید.

(درست/نادرست، ۶ امتیاز، هر مورد ۱/۵ امتیاز، هر مورد نادرست منفی ۰/۵)

گزاره	درست	نادرست
I. میانگین فاصله زمانی میان تیک‌تاک‌های ساعت مولکولی بسیار کم‌تر از واریانس این فواصل است.		
II. یکی از محدودیت‌های مفهوم ساعت مولکولی این است که تفاوت ژنتیکی میان دو دودمان همواره رابطه خطی با تعداد جهش‌ها نخواهد داشت.		
III. انتظار داریم که نرخ تیک‌تاک ساعت مولکولی در ژن‌های حیاتی پایین‌تر از ژن‌هایی دیگر باشد.		
IV. براساس نظریه خنثی و اصل هم‌عرضی ژنتیکی (the genetic equidistance principle)، نرخ ثابت ساعت مولکولی در یک درخت تکاملی سبب می‌شود که فاصله متوسط همه شاخه‌هایی که در گروه‌های تک‌نیایی گنجانده می‌شوند با شاخه‌ای بیرون از این گروه‌ها (outgroup) برابر باشد.		

پرسش ۷) درستی یا نادرستی گزاره‌های زیر در باب مفهوم فرایپوستگی (linkage disequilibrium) را مشخص کنید.

(درست/نادرست، ۶ امتیاز، هر مورد ۱/۵ امتیاز، هر مورد نادرست منفی ۰/۵)

گزاره	درست	نادرست
I. اثر انتخاب طبیعی بر اللی مضر می‌تواند به کاهش فراوانی ال‌های که با ال مضر فرایپوسته هستند منجر شود.		
II. تداخل کلنی‌ها (clonal interference) در نبود نوترکیبی و نرخ جهش بالا، شدیدتر می‌شود.		
III. فراوانی هاپلوتایپ‌ها در جمعیت را می‌توان با آگاهی فراوانی ال‌ها تخمین زد.		
IV. شدت کشش ژنتیکی (genetic draft)، برخلاف رانش ژنتیکی، رابطه تنگاتنگی با اندازه جمعیت ندارد.		

پرسش ۸) درستی یا نادرستی گزاره‌های زیر را مشخص کنید.

(درست/نادرست، ۶ امتیاز، هر مورد ۱/۵ امتیاز، هر مورد نادرست منفی ۰/۵)

گزاره	درست	نادرست
۱. وراثت‌پذیری مبسوط (H^2) تنوع فنوتیپی ناشی از همه فاکتورهای ژنتیکی را منعکس می‌کند، و وراثت‌پذیری محدود (h^2) تنوع فنوتیپی ناشی از اثر انباشتی (additive) ژن‌ها را نشان می‌دهد.		
۲. در $V_P = V_G + V_E$ ، محیط و ژن‌ها میانکنشی باهم نداشته و مستقل فرض می‌شوند.		
۳. «وراثت‌پذیری هوش پنجاه درصد است» یعنی پنجاه درصد تفاوت در ضریب هوشی به ژنوم ما مربوط می‌شود و باقی تفاوت مبنای ژنتیکی ندارد.		
۴. در معادله پرورش ($R = h^2 S$)، S برابر است با میانگین مقدار صفت کمی در میان والدین انتخاب‌شده.		

پرسش ۹) درستی یا نادرستی گزاره‌های زیر را مشخص کنید.

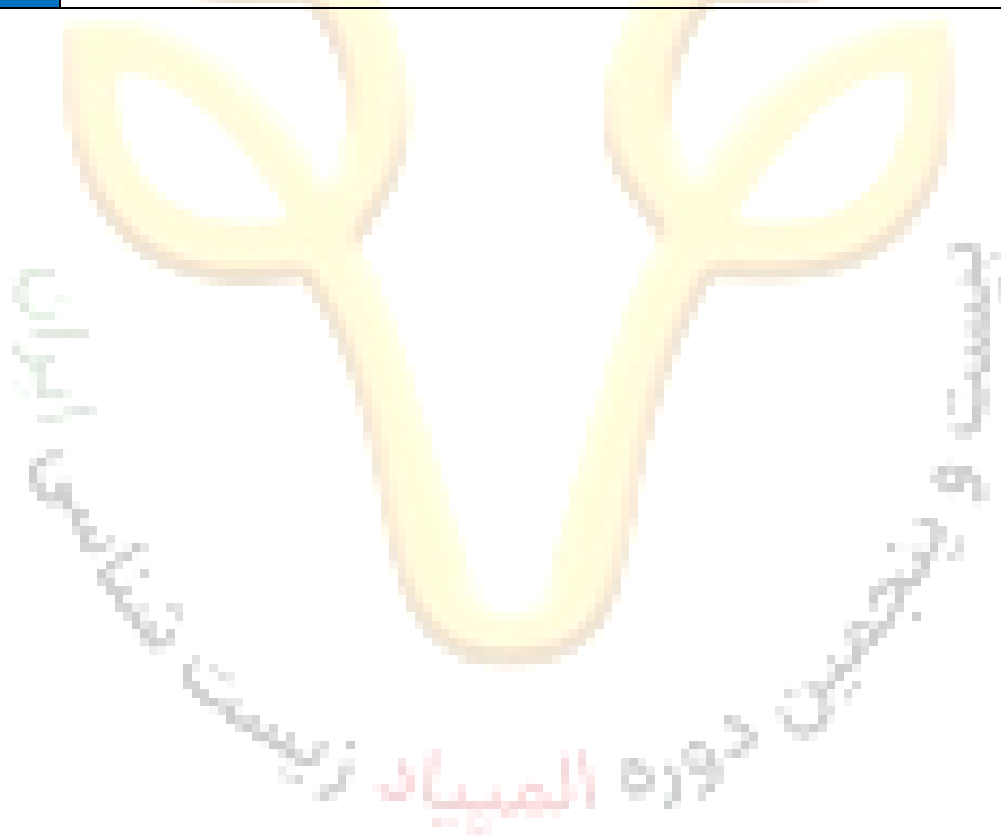
(درست/نادرست، ۶ امتیاز، هر مورد ۱/۵ امتیاز، هر مورد نادرست منفی ۰/۵)

گزاره	درست	نادرست
۱. براساس قاعده همیلتون، اگر ضریب خویشاوندی بالا باشد، سود قابل ملاحظه‌ای به خویشان برسد و هزینه فداکاری پایین باشد، انتخاب طبیعی افرادی را که به خویشان خود کمک می‌کنند را برخواهد گزید.		
۲. ضریب خویشاوندی برابر است با احتمال اینکه یک نسخه از آلل در یک فرد با نسخه دیگر آن در فرد دیگر از نظر حالت (state) یکسان باشد.		
۳. در سنجاب‌های حاکی پلدینگ، ماده‌های بالغ بیش از نر بالغ جیغ‌های هشداردهنده سرمی‌دادند تا سنجاب‌های دیگر در جمعیت را از خطر شکارچی برهانند. این تفاوت در رفتار میان نرهای بالغ و ماده‌های بالغ، ناشی از ضریب خویشاوندی بالاتر ماده‌ها با دیگر اعضای جمعیت در قیاس با نرهاست.		
۴. شایستگی فراگیر (inclusive fitness)، حاصل جمع تعداد زادگان زیستای فرد و اثر رفتار فرد بر تعداد زادگان زیستای خویشان اوست.		

پرسش ۱۰) درستی یا نادرستی گزاره‌های زیر را در رابطه با گروه‌گرایی راستین (eusociality) مشخص کنید.

(درست/نادرست، ۶ امتیاز، هر مورد ۱/۵ امتیاز، هر مورد نادرست منفی ۰/۵)

گزاره	درست	نادرست
I. درگروه‌گرایی راستین، تنها بخشی از جمعیت در تولید مثل نقش دارد.		
II. در هاپلودیپلویدی، وقتی ملکه تنها با یک نر آمیزش کند، ضریب خویشاوندی خواهران، اگر تنها مادر آن دو را در دودمان در نظر بگیریم، یک‌چهارم است.		
III. هاپلودیپلویدی برای تکامل گروه‌گرایی راستین ضروری است.		
IV. بر اساس نظریه شایستگی نسبی، در دودمان‌هایی که گروه‌گرایی راستین تکامل یافته و ملکه‌ها چندشوهری (polyandry) پیشه می‌کنند، وضعیت نیایی تولید مثلی باید تک‌شوهری بوده‌باشد.		



اکولوژی / ۷۵ امتیاز (هر امتیاز معادل ۱/۱ % نهایی)

پرسش ۱۱) این پرسش ۵ قسمت دارد.

(مجموعاً ۳۱/۵ امتیاز - هر گزاره ۱/۵ امتیاز ، هر مورد نادرست منفی ۱/۲)

جمعیتی از موش ها داریم که می خواهیم دو گونه باکتری A و B که در روده این موش ها زندگی می کنند را مورد مطالعه قرار دهیم. هرچه فراوانی گونه A نسبت به گونه B بیشتر باشد، موش سلامت بهتر و فرزندان بیشتری خواهد داشت. رابطه گونه A و B از جنس رقابت است (شدت رقابت به حدی نیست که گونه ها یکدیگر را حذف کنند). دقت کنید که در روده موش تعداد زیادی باکتری زندگی می کند و طول نسل موش از طول نسل باکتری بسیار طولانی تر است.

توجه:

- در دو پرسش ۱۱-الف و ۱۱-ب تنها به گونه A می پردازیم
- در پرسش های ۱۱-ج، ۱۱-د ، ۱-ه به گونه B نیز می پردازیم.

پرسش ۱۱- الف) قند به فرم سلولز از طریق غذا وارد روده می شود و گونه A از آن تغذیه می کند. برای تجزیه سلولز لازم است سلول ها آنزیم سلولاز را در محیط آزاد کنند تا گلوکز را آزاد کند. جهش باعث می شود تا بعضی از اعضای گونه A ، توانایی تولید آنزیم را از دست بدهند (A-); ولی این افراد همچنان توانایی استفاده از گلوکز تولید شده توسط بقیه اعضا را دارند. لازم به ذکر است افرادی که سلولاز تولید می کنند (A+) د ستر سی بیشتری به گلوکز تولید شده دارند. فرض کنید همه اعضای نوع A+ سلولاز را به مقدار ثابتی بیان می کنند و بیان این آنزیم هزینه بر است و نرخ رشد سلول ها را کم می کند.

بر اساس توضیحات درستی یا نادرستی گزاره های زیر را تعیین نمایید.

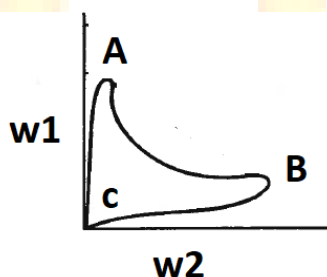
(درست/ نادرست، ۴/۵ امتیاز، هر گزاره ۱/۵ امتیاز ، هر مورد نادرست منفی ۱/۲)

گزاره	درست	نادرست
I. هرچه شدت هم خوردن محتویات روده بیشتر باشد، فراوانی A- در گونه A بیشتر خواهد بود.		
II. هرچه تراکم باکتری ها در روده بیشتر باشد فراوانی A+ در گونه A بیشتر خواهد بود.		
III. هرچه فراوانی گونه A نسبت به کل میکروبیوم روده کمتر باشد، فراوانی A+ در گونه A بیشتر خواهد بود.		

پرسش ۱۱- ب) حال فرض کنید میزان بیان آنزیم، یک صفت ژنتیکی پیوسته است (دیگر A^- و A^+ نداریم). فرض کنید در ابتدا که باکتری ها به غذا حمله می کنند، تراکم باکتری ها بر روی غذا کم است، به طوری که در محیط اطراف یک باکتری، یک باکتری دیگر وجود دارد (به احتمال p) یا باکتری تنهاست (به احتمال q). در زیر fitness set مربوط به نرخ رشد باکتری را در دو محیط ۱ (هنگامی که یک باکتری در محیط وجود دارد و آنزیم تولید می کند) و ۲ (هنگامی که یک باکتری در محیط وجود دارد ولی آنزیم تولید نمی کند یا هیچ باکتری در محیط وجود ندارد) را می بینید. فرض کنید غذا هر چند ساعت یک بار به روده وارد می شود، سپس باکتری ها در یکی از دو محیط ۱ یا ۲ قرار می گیرند و تا پایان عبور وعده غذایی در این محیط می مانند و در این بین چند تقسیم هم انجام می دهند. (در واقع فرض داشتن تنها یک همسایه برای ابتدای کار هست که باکتری ها در روی غذا قرار می گیرند. پس از آن هر کدام از آن باکتری ها در آن چند ساعت که غذا در حال عبور از روده هست، تعدادی تقسیم می شوند و تعداد آن ها نمایی رشد می کند (از جهش صرف نظر می کنیم) و سپس باکتری های تولید شده غذا را ترک می کنند و به میکروبیوم روده بر می گردند.

درستی یا نادرستی گزاره های زیر را مشخص کنید.

(درست/ نادرست، ۹ امتیاز، هر گزاره ۱/۵ امتیاز، هر مورد نادرست منفی ۱/۲)



گزاره	درست	نادرست
I. فنوتیپ c (شکل بالا) مربوط به حالتی است که باکتری سلولاز تولید نکند.		
II. محیط باکتری ها coarse-grain است.		
III. اگر q حدودا برابر با ۱ باشد، فنوتیپ B بهینه است.		
IV. اگر p حدودا برابر با ۱ باشد، فنوتیپ A بهینه است.		
V. اگر p برابر ۱ باشد و جمعیت اولیه ای متشکل از افراد با فنوتیپ A و B داشته باشیم، A و B به یک فراوانی تعادلی می رسند.		
VI. فرض کنید p برابر ۱ باشد؛ از نظر تکاملی مطلوب است که یک باکتری بتواند با استفاده از یک کلید بیان ژنی تصادفی، فرزندی تولید کند که بعضی از آنها فنوتیپ A و بعضی از آنها فنوتپ B دارند.		

پرسش ۱-ج) همانطور که گفتیم، گونه B به کل فاقد آنزیم سلولاز است. ولی اعضای گونه A دارای ژن آنزیم سلولاز هستند که می توانند دارا یا فاقد آنزیم سلولاز باشند (A+ یا A-، مانند پرسش ۱۱- الف).

توجه:

- به یاد داشته باشید سلول ها در روده کاملاً مخلوط هستند (مگر خلاف آن ذکر شود) اما سلولاز آنزیم سنگینی است و بیشتر در نزدیکی سلولی که از آن ترشح شده می ماند، بنابراین غلظت گلوکز در محیط اطراف سلول هایی که سلولاز ترشح می کنند بیشتر است.
- همچنین مجدد فرض کنید که در محیط اطراف هر سلول A در ابتدا ۱ سلول دیگر خواهد بود (می تواند A یا B باشد) (مانند پرسش ۱۱-ب).

درستی یا نادرستی گزاره های زیر را مشخص کنید.

(درست/ نادرست، ۴/۵ امتیاز، هر گزاره ۱/۵ امتیاز ، هر مورد نادرست منفی ۱/۲)

گزاره	درست	نادرست
I. هرچه فراوانی اعضای گونه B در میکروبیوم روده نسبت به اعضای گونه A بیشتر باشد، نسبت افراد A+ در گونه A بیشتر خواهد شد.		
II. انتظار داریم اعضای گونه B تکامل پیدا کنند تا با دادن مواد غذایی به افراد A+، میزان آنزیم سلولاز ترشح شده توسط جمعیت گونه A را افزایش دهند.		
III. انتظار داریم اعضای گونه B تکامل پیدا کنند تا گلوکز تولید شده توسط گونه A را با کارایی بیشتری برابند، حتی اگر با این کار میزان تجزیه سلولز در روده و بنابر این جمعیت میکروبی روده کاهش یابد.		

پرسش ۱۱- د) فرض کنید اندازه جمعیت باکتری ها نزدیک ظرفیت محیط است. هر موش میکروبیوم خود را در بدو تولد از مادر خویش به ارث می برد و بین میکروبیوم افراد مختلف انتقال افقی وجود ندارد. همچنین فرض کنید جمعیت باکتری ها در روده کاملاً یکدست مخلوط شده و هیچ ساختار فضایی وجود ندارد.

درستی یا نادرستی گزاره های زیر را مشخص کنید.

(درست/ نادرست، ۶ امتیاز، هر گزاره ۱/۵ امتیاز ، هر مورد نادرست منفی ۱/۲)

گزاره	درست	نادرست
I. انتظار می رود موش تکامل پیدا کند تا به رشد گونه A در روده خود کمک کند.		
II. انتظار می رود گونه B تکامل پیدا کند تا فراوانی کمتری در روده موش داشته باشد .		
III. انتظار می رود گونه A تکامل پیدا کند تا با ترشح یک ماده سمی برای گونه B نسبت خود را در جمعیت روده افزایش دهد و تعداد فرزندان موش را بیشتر کند.		
IV. انتظار داریم گونه A تکامل پیدا کند تا با کاهش تولید آنزیم سلولاز، سود کمتری به گونه B برساند.		

پرسش ۱۱- ۵) میکروبیوم مشابهی در روده نماتود ها هم یافت شده است. فرض کنید در روده نماتود ها اندازه جمعیت میکروبی بسیار کم است؛ به طوری که رانش ژنتیکی باعث می شود که جمعیت میکروبی گونه های مختلف از نظر ژنتیکی کمابیش یکدست (بدون تنوع ژنتیکی) باشد. مشخص کنید کدامیک از گزاره های زیر احتمال اینکه گونه A سمی تولید کند که رشد گونه B را مهار می کند ولی تولید آن پر هزینه است را افزایش می دهد (اگر افزایش می دهد گزاره درست و در غیر این صورت نادرست است).
درستی یا نادرستی گزاره های زیر را مشخص کنید.

(درست/ نادرست، ۷/۵ امتیاز، هر گزاره ۱/۵ امتیاز ، هر مورد نادرست منفی ۱/۲)

گزاره	درست	نادرست
I. هرچه طول نسل نماتود ها به نسبت طول نسل (زمان بین دو تقسیم سلولی) اعضای گونه A کوتاه تر باشد.		
II. هرچه نرخ جهش در ژن تولید سم بیشتر باشد .		
III. اگر چند کپی از ژن تولید کننده سم در ژنوم گونه A وجود داشته باشد که به صورت مستقل سم را تولید می کنند (یکی از آنها برای تولید سم کافی، کافی است).		
IV. اگر برای تولید سم حضور چند ژن ضروری باشد .		
V. انتقال افقی باکتری بین میکروبیوم افراد مختلف وجود داشته باشد .		

پرسش ۱۲- این پرسش ۲ قسمت دارد.

(مجموعاً ۸ امتیاز – هر گزاره ۱ امتیاز)

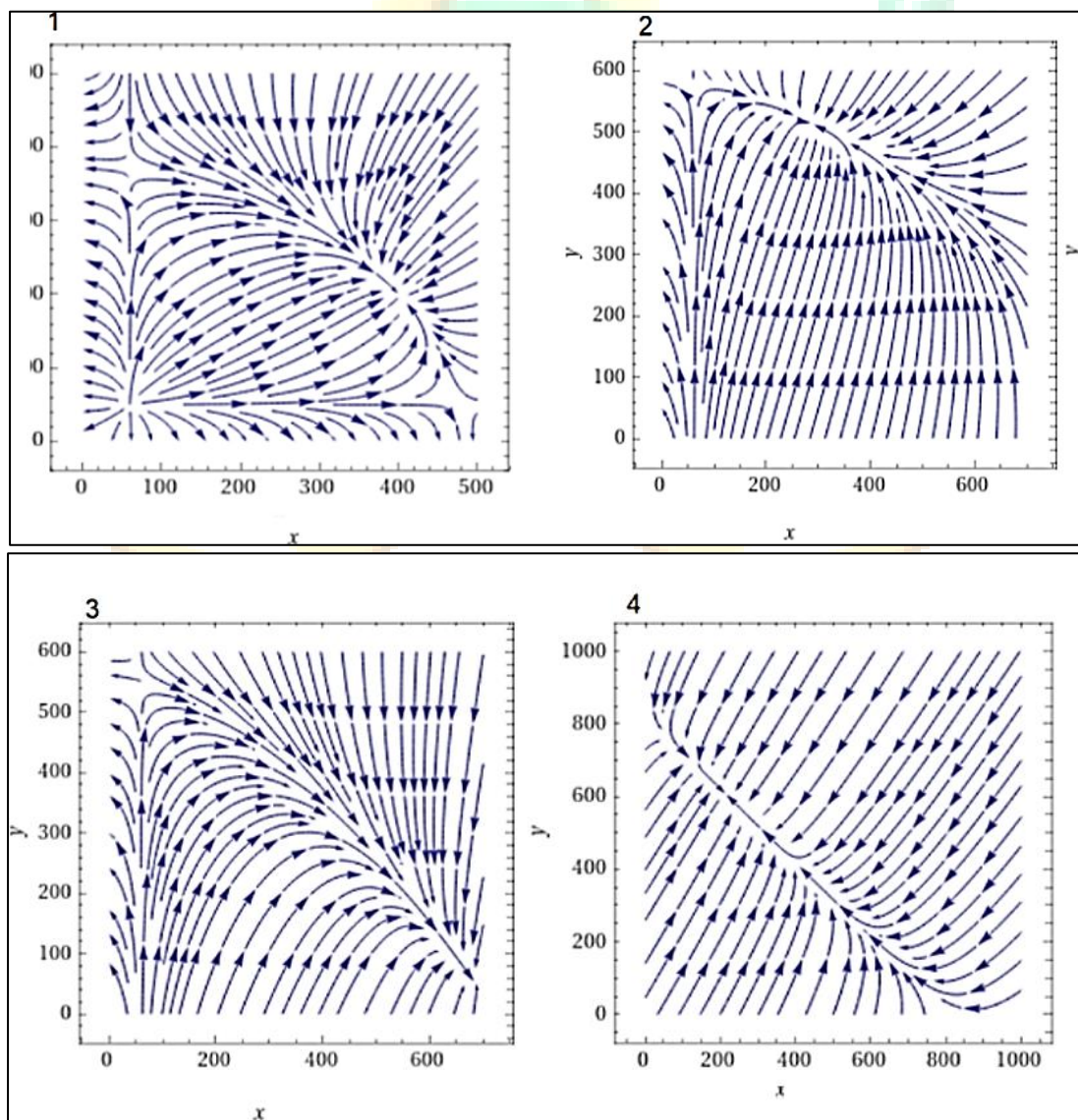
برای مدل سازی رقابت بین موجودات، ساده ترین مدل ارائه شده مدل لوتکا-ولترا است که در زیر نشان داده شده است.

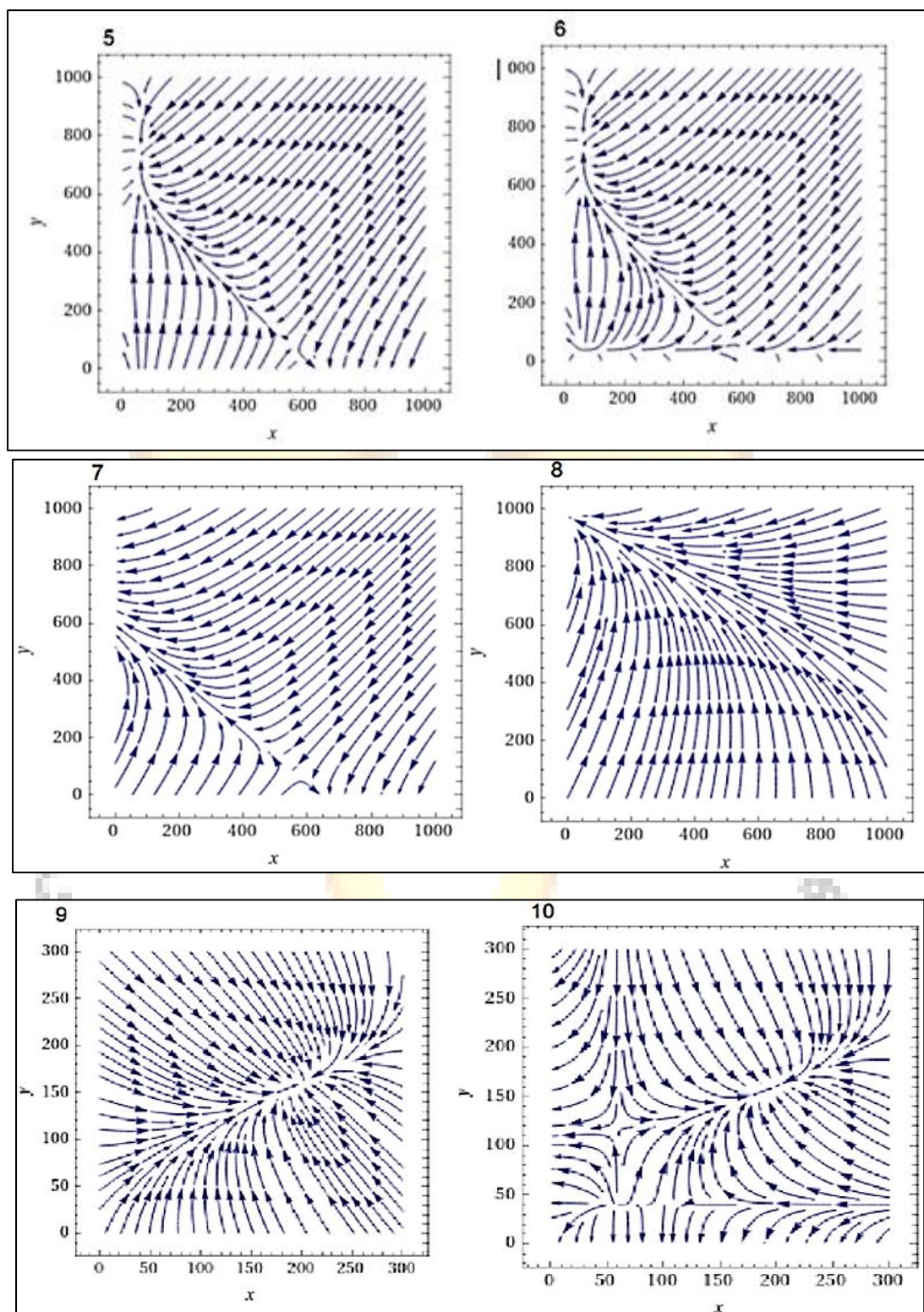
$$\frac{dx_1}{dt} = r_1 x_1 \left(1 - \left(\frac{x_1 + \alpha_{12} x_2}{K_1} \right) \right)$$

$$\frac{dx_2}{dt} = r_2 x_2 \left(1 - \left(\frac{x_2 + \alpha_{21} x_1}{K_2} \right) \right)$$

در این مدل فرض می شود که هر دو گونه در نبود دیگری به صورت لجستیک رشد می کند و به K خود می رسد. این مدل از این نظر که یک محدودیتی برای رشد گونه ها قائل می شود تا حدی به واقعیت نزدیک است؛ اما یک مشکل دیگر که موجودات با آن مواجه هستند این است که برای بسیاری از گونه ها یک حداقل جمعیتی لازم است تا آن گونه منقرض نشود (برای مثال به دلیل تنوع کم ژنتیکی و درون آمیزی (inbreeding) زیاد یا ناتوانی در شکار گروهی). به همین دلیل بسیاری از گونه ها وقتی از حدی تعدادشان کمتر می شود، تعدادشان شروع به کاهش کرده و در نهایت آن گونه منقرض می شود. به این اتفاق اثر آلی (Allee effect) می گویند. برای اینکه این قضیه را در مدل خود اعمال کنیم، یک عبارت $\frac{N-\varepsilon}{N+\varepsilon}$ در طرف راست معادله ضرب می کنیم که N تعداد اعضای جمعیت مورد بررسی و ε تعداد حداقلی مورد نیاز جمعیت برای بقا است.

پرسش ۱۲- الف) با توجه به توضیحات داده شده به سوالات زیر پاسخ دهید. برای اینکه رفتار این مدل را بهتر متوجه شویم، در چند شبیه سازی حالات مختلفی که پارامترهای دو جمعیت می توانند داشته باشند را در نظر گرفته و صفحه فاز مربوط به دو گونه را رسم کردیم که حاصل این کار شکل های ۱ تا ۱۰ زیر شدند.





هر یک از عبارات زیر مربوط به یک شکل (۱ تا ۱۰) است. شکل مربوط به هر عبارت را تعیین کنید.
(تک پاسخی انتخاب شکل برای هر مورد، ۴ امتیاز، هر گزاره ۱ امتیاز، هر مورد نادرست منفی ۰/۸)

a. سیستمی که در آن رقابت دو گونه به همزیستی پایدار می انجامد و فقط یکی از گونه ها اثر آلی را نشان می دهد.



b. سیستمی با چهار تعادل با اندازه جمعیت های غیر صفر در زمان تعادل که فقط یکی از آن ها پایدار است.



c. سیستمی با پارامتر های رو به رو: $K_2=1000$ ، $K_1=800$ ، $\alpha_{21}=0.9$ و $\alpha_{12}=1$ و عدم وجود اثر آلی (در این گزاره نتیجه نهایی رقابت و روند کلی صفحه فاز مهم است).



d. سیستمی که در آن رقابت دو گونه به همزیستی پایدار نمی انجامد و اثر آلی برای یک گونه وجود دارد.

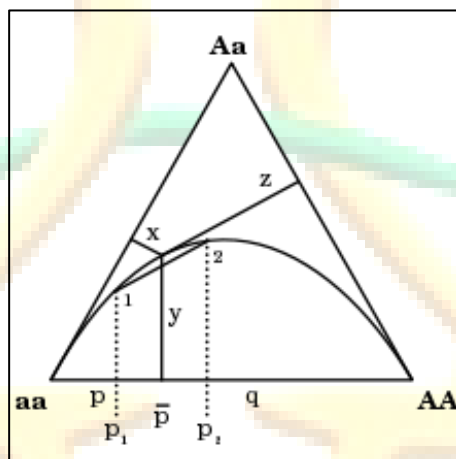


پرسش ۱۲- ب) درستی یا نادرستی گزاره های زیر را تعیین کنید.

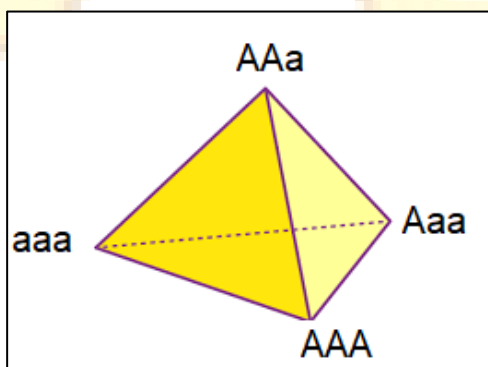
(درست/ نادرست، ۴ امتیاز، هر گزاره ۱ امتیاز ، هر مورد نادرست منفی ۰/۸)

گزاره	درست	نادرست
۱. اگر به جای عبارت $\frac{N-\varepsilon}{N+\varepsilon}$ تنها عبارت $N - \varepsilon$ را در معادله لوتکا-ولترا ضرب می کردیم، همچنان اثر آلی در نظر گرفته می شد و مقدار رشد جمعیت در مقادیر بالای جمعیتی نسبت به حالت گفته شده به رشد لجستیک عادی نزدیک تر بود.		
۲. به دلیل مواد رادیو اکتیو ساطع شده پس از بمب باران اتمی هیرو شیما، آب های خلیج هیرو شیما به شدت سمی شدند و دیگر برای مرجان ها قابل سکونت نبودند. اما بعد از مدتی گونه ای خاص از مرجان ها در این خلیج پیدا شد، به این صورت که در اطراف صخره های مرجانی حاصل از آن، سلول های سطحی مرجانی آب را تصفیه می کردند و آب پاک را به سلول های قسمت داخلی خود تحویل می دادند. مرجان هایی که با آب خلیج در ارتباط بودند، نمی توانستند مواد غذایی خود را تامین کنند و به باقی مرجان ها وابسته بودند. برای مدل سازی رشد این گونه (برای تعداد سلول های یک صخره)، استفاده از مدل ذکر شده با شرط $\varepsilon > 0$ مناسب تر از رشد لجستیک بدون اثر آلی است.		
۳. اگر همیاری را بخواهیم با معادلات لوتکا-ولترا نشان دهیم، آلفا ها منفی خواهند بود و صفحه فاز شماره ۱۰ می تواند حاصل این برهمکنش همراه با اثر آلی باشد.		
۴. در همیاری، جمعیت ها در مقادیر بالاتر از K ی خود به تعادل می رسند.		

پرسش ۱۳- همانطور که می دانید برای بررسی فراوانی ژنوتیپ های مختلف برای حالت دیپلوئید و با دو آلل، از مثلث زیر استفاده می شود.



که در آن جمع فاصله عمودی هر نقطه درون مثلث با ۳ یال، عددی ثابت است و به همین دلیل فاصله هر نقطه از یک یال، نسبت به جمع فاصله ها برابر فراوانی ژنوتیپ راس مقابل یال مورد نظر است. اما می توانیم همین قضیه را به تعداد بیشتری ژنوتیپ تعمیم دهیم. مثلاً برای یک موجود $3n$ با دو آلل برای یک جایگاه، می توان یک هرم را در نظر گرفت (شکل زیر) که هر وجه آن یک مثلث به شکل متساوی الاضلاع به صورت بالا باشد.



در این حالت جمع ارتفاع های عمود بر یک وجه ثابت است و نسبت فاصله هر نقطه از یک وجه به جمع فاصله ها برابر فراوانی ژنوتیپ راس مقابل وجه مورد نظر است. برای مثال فرض کنید جمعیت در نقطه ی AAa (راس بالایی هرم) قرار داشته باشد. در این حالت فاصله نقطه از ۳ وجه بالایی صفر است و تمام جمعیت به صورت AAa دیده می شود.

ازده المپیاد

در گونه ای از موز برای یک جایگاه دو الی، ال A باعث می شود گیاه حامل این ال K ی بیشتری داشته باشد و ۲ کمتر و هرچه تعداد این ال در ژنوتیپ بیشتر باشد، این ویژگی بیشتر خواهد بود (موز تریپلوئید است و موجودات تریپلوئید تنها تولید مثل غیر جنسی دارند). با توجه به توضیحات بالا درستی یا نادرستی گزاره های زیر را تعیین کنید.

(درست/ نادرست، ۵ امتیاز، هر گزاره ۱ امتیاز ، هر مورد نادرست منفی ۰/۸)

گزاره	درست	نادرست
I. در عدم حضور جهش هرم گفته شده حداقل ۴ نقطه ی تعادل دارد.		
II. اگر در حالتی جمعیت بتواند به صورت نمایی رشد کند و ظرفیت محیط بی نهایت فرض شود، شایستگی (fitness) ژنوتیپ AAA در اندازه جمعیت مشخصی با ژنوتیپ aaa برابر خواهد شد.		
III. همانطور که در بالا نشان داده شده است، در حالت دیپلوئید و دو ال، در تعادل هاردی واینبرگ فراوانی هتروزیگوت ها به صورت یک سهمی برعکس می شود. به همین دلیل در حالت ۴ ژنوتیپ و فرض تعادل هاردی واینبرگ برای این گونه، اگر محور x را فراوانی ال A قرار دهیم و هرم را به نوعی قرار دهیم که راس aaa بر روی مبدا مختصات و راس AAA بر روی نقطه (1,0,0) قرار بگیرد (با فرض هرم نشان داده شده در سوال)، مقدار y هر نقطه فراوانی ژنوتیپ Aaa و مقدار z هر نقطه فراوانی ژنوتیپ AAA خواهد بود و نقاط تعادل به شکل یک خط خمیده در فضا خواهند بود به نوعی که در $p = \frac{1}{3}$ مقدار y و در $p = \frac{2}{3}$ مقدار z حداکثر خواهد بود.		
IV. به تازگی جزیره ای آتشفشانی به وجود آمده و این گونه شروع به رشد در آن کرده است. در ابتدا کلونیزه کردن جزیره، فراوانی ژنوتیپ aaa نسبت به باقی ژنوتیپ ها زیاد می شود.		
V. اگر در جزیره سوال قبل، آتشفشان مذکور بعد از زمانی کوتاه برای همیشه خاموش شود، ژنوتیپ AAA نسبت به باقی ژنوتیپ ها احتمال تثبیت بالاتری دارد (از اثر رانش و جهش صرف نظر نمایید).		

پرسش ۱۴- این پرسش سه قسمت دارد.

(مجموعاً ۲۵/۵ امتیاز - هر گزاره ۱/۵ امتیاز ، هر مورد نادرست منفی ۱/۲)

در مطالعه ای که در بندر انزلی به روی گونه هایی از تک سلولی ها انجام شد، رفتارشناسان مشاهده کردند گونه خاصی از مرغ دریایی پس از تغذیه، هنگام پرواز مواد دفعی خود را در بالای دریا آزاد می کند. این مواد دفعی پس از افتادن در دریا، ۵۰ متر در روز پایین رفته و در نهایت ته نشین می شوند. مدفوع پرندگان به عنوان patch (لکه) غذایی برای باکتری ها عمل می کند.

از بین گونه های مورد مطالعه، گونه های S و X باکتری هایی هستند که بدون منبعی از مواد غذایی به جز آب دریا (یعنی در محیط بدون وجود مدفوع پرندگان) قادر به زندگی یا رشد نبوده و فرم فعال آنها از بین رفته و این گونه ها فقط به صورت اسپور در محیط باقی می مانند. در زمان هایی که مدفوعی در محیط اطراف اسپور وجود داشته باشد، اسپور می تواند منبع غذایی را شناسایی کرده و به آن بچسبد و فعال شده و جمعیتی از باکتری های فعال ایجاد نماید. (باکتری های فعال هنگام رشد اسپور تولید کرده و موجب ادامه این چرخه می شوند) گونه های Y و R، به ترتیب نوعی مخمر و نوعی باکتری هستند که برخلاف دو گونه قبلی، وابسته به وجود patch های غذایی نیستند و در حضور یا عدم حضور این patch ها قادر به زندگی و رشد هستند و وجود مدفوع پرنده فقط می تواند سرعت رشد، محل زندگی و شایستگی ها را تغییر دهد.

اطلاعات مربوط به گونه های مورد مطالعه را در جدول زیر مشاهده می کنید:

توجه: doubling time میانگین مدت زنده ماندن یک نسل از موجود می باشد.

گونه	عمقی از دریا که باکتری می تواند در آنجا زنده بماند. (meter)	Doubling time (hour)
X	۱۳۰-۰	۰/۸
Y	۱۵۰-۰	۱
R	۲۰۰۰-۸۰۰	۲
S	۴۵۰-۰	۰/۹

پرسش ۱۴-الف) فرض کنید برهم کنش بین گونه X و گونه S، از نوع رقابت است (سایر گونه ها با این دو گونه و با همدیگر برهمکنشی ندارند). میدانیم:

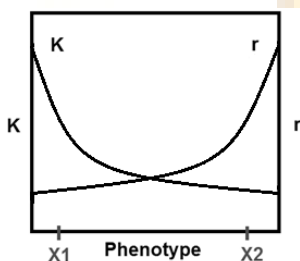
$$K_S = 2400 \quad K_X = 4000 \quad \alpha_{SX} = 0.5 \quad \alpha_{XS} = 0.8$$

یادآوری: α_{12} ضریبی است که نشان دهنده اثر گونه ۲ بر گونه ۱ می باشد.

درستی یا نادرستی گزاره های زیر را تعیین کنید. (درست/ نادرست، ۴/۵ امتیاز، هر گزاره ۱/۵ امتیاز ، هر مورد نادرست منفی ۱/۲)

گزاره	درست	نادرست
I. در بررسی یکی از patch های غذایی اشغال شده، ترکیب نهایی جمعیت پس از ۵ روز از ورود به آب دارای هر دو گونه X و S خواهد بود.		
II. در بررسی یکی از patch های غذایی اشغال شده، می توان گفت برای جمعیت S نسبت به جمعیت X، در بازه کوتاه تری از دوره رشد جمعیت، انتخاب طبیعی در راستای افزایش r عمل خواهد کرد.		
III. احتمال اینکه انتخاب طبیعی در راستای افزایش r عمل کند، در محیطی که غلظت هر یک از اسپور های دو گونه X و S در آب ۱ میلی گرم بر لیتر باشد، از محیطی با غلظت اسپورهای اولیه ۰/۰۱ میلی گرم بر لیتر کمتر است.		

S را بررسی می کنیم، می توانیم فرض کنیم که گونه X یک k و r ثابتی دارد (می توان از اثر تنوع ژنتیکی صرف نظر کرد)



پرسش ۱۴-ب) در ادامه، علاوه بر توضیحات داده شده قبلی، فرض کنید گونه X دو واریانت فنوتیپی X1 و X2 داشته باشد. نرخ رشد ذاتی و ظرفیت تحمل محیط برای فنوتیپ های مختلف گونه X در نمودار زیر نشان داده شده است. (توجه کنید که صفت فنوتیپی مورد بررسی، صفت پیوسته بوده و X1 و X2 صرفاً واریانت های فنوتیپی مورد بررسی و مدنظر در این سوال می باشند) برای سادگی مساله، از تکامل گونه S صرف نظر می کنیم. همچنین مقدار k و r این دو فنوتیپ آنقدر متفاوت نیست و هنگامی که رقابت گونه X با

همچنین فرض کنید انتخاب طبیعی تا زمانی که اندازه جمعیت به ۵۰ درصد K برسد (محیط ۱)، در جهت افزایش r و در اندازه جمعیت های بزرگتر (محیط ۲) در جهت افزایش K عمل کند. درستی یا نادرستی گزاره های زیر را تعیین کنید.

(درست/ نادرست، ۴/۵ امتیاز، هر گزاره ۱/۵ امتیاز ، هر مورد نادرست منفی ۱/۲)

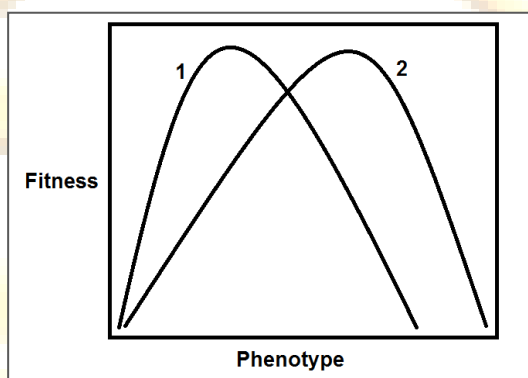
گزاره	درست	نادرست
I. نمودار fitness set برای باکتری X مقعر است.		
II. فرض کنید جمعیت باکتری ها پس از زمان t به ۵۰ درصد ظرفیت تحمل محیط می رسد. اگر نسبت t به کل زمان در دسترس بودن مواد غذایی برای باکتری را Q بنامیم، می توان گفت برای جمعیت X یک Q آستانه ای ($Q_{threshold}$) وجود دارد که در Q های کمتر از $Q_{threshold}$ یکی از فنوتیپ ها و در Q های بالاتر از $Q_{threshold}$ ، فنوتیپ دیگر تثبیت می شود.		
III. در گزاره قبلی، اگر یک ژنوتیپ بتواند باعث شود که در افرادی که دارای آن هستند، در برخی از آنها فنوتیپ X1 و در برخی از آنها فنوتیپ X2 ایجاد شود، انتظار داریم این ژنوتیپ بتواند هنگامی که Q نزدیک به $Q_{threshold}$ است، هر دو ژنوتیپی که باعث بوجود آمدن فنوتیپ X1 و X2 می شوند را شکست داده و تثبیت شود.		

پرسش ۱۴-ج) می دانیم گونه R نوعی باکتری تجزیه کننده است که در حضور و نیز عدم حضور patch های غذایی زنده مانده و رشد می کند. هنگامی که مدفوع پرند در نزدیکی باکتری R وجود داشته باشد، باکتری محل این patch غذایی را حس کرده و به آن متصل می شود، در عرض ۱۰ دقیقه تمام مواد قابل استفاده باقی مانده در آن را تجزیه کرده و سپس دوباره در آب دریا آزاد می شود.

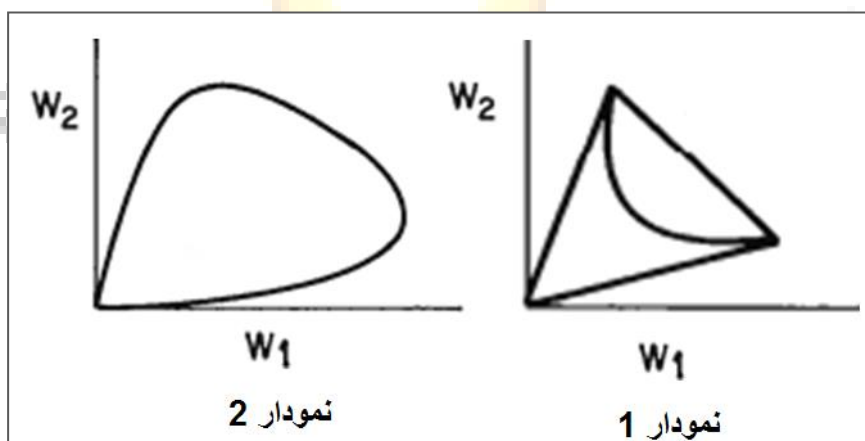
شایستگی فنوتیپ های مختلف این گونه در نمودار زیر قابل مشاهده است:

۱: محیط آب دریا

۲: محیط سطح patch های غذایی



حال با توجه به شکل های زیر، درستی یا نادرستی گزاره های زیر را تعیین کنید.



(درست/ نادرست، ۹ امتیاز - هر گزاره ۱/۵ امتیاز، هر مورد نادرست ۱/۲ امتیاز)

نادرست	درست	گزاره	
		۱. نمودار های fitness set ۱ و ۲ به ترتیب می توانند مربوط به گونه R و X باشند. (برای گونه X محیط های ۱ و ۲ محیط های زندگی به ترتیب قبل و بعد از رسیدن به ۵۰ درصد ظرفیت محیطی می باشند. برای گونه R محیط ۱، محیط بدون حضور patch های غذایی و محیط ۲، محیط با حضور patch های غذایی می باشد).	
		۲. اگر p نسبتی از روزهای سال باشد که پرندگان در حال عبور از بندر هستند و مواد غذایی باکتری ها را تامین می کنند، adaptive function گونه X با p رابطه خطی دارد.	
		۳. حالات فنوتیپی مطلوب از نظر تکاملی، مساحت درون نمودار fitness set می باشند.	
		۴. در صورتی که تحذب fitness set یک گونه بیشتر شود، برای ایجاد یک میزان مشخص تغییر در فنوتیپ، تغییر محیطی بیشتری نیاز خواهد بود.	
		۵. در روزهایی از سال که پرندگان در بندر وجود دارند، محیط patch های غذایی برای گونه coarse R grained است.	
		۶. اگر پرندگان تنها در فصل بهار در بندر وجود داشته باشند، حضور patch های غذایی در طول سال یک محیط fine grained است.	

پرسش ۱۴-د) می دانیم Y گونه ای مخمر دیپلوئید با تولید مثل جنسی بوده و جمعیت آن در تعادل هاردی واینبرگ است. در ادامه ی مطالعات متوجه شدیم این گونه ژنی دارد که باعث می شود به فلزات سنگین (از جمله مس و سرب) حساس باشد. غلظت این فلزات در آب دریا در بندر مورد مطالعه، در اکثر مواقع ناچیز است. اما برخی اوقات، با تخلیه پسماند های یک کارخانه واقع در شهر انزلی به دریا، غلظت مس به طرز چشم گیری افزایش می یابد و کاهش آن به حد غیر آسایب زا، یک ماه به طول می انجامد. توجه کنید که تخلیه پسماند ها از نظر زمانی الگوی مشخصی ندارد ولی احتمال رخداد آن در هر ماه ثابت است).

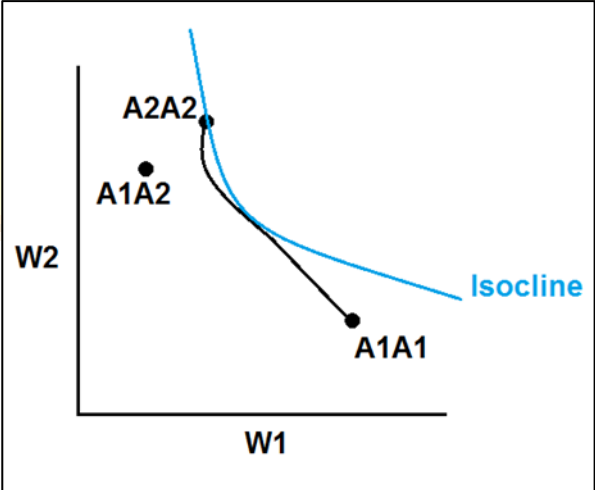
در جدول زیر، شایستگی ژنوتیپ های مختلف این گونه در حضور و عدم حضور فلزات سنگین را مشاهده می کنید:

(Cu نشان دهنده فلز مس و Pb نشان دهنده فلز سرب می باشد).

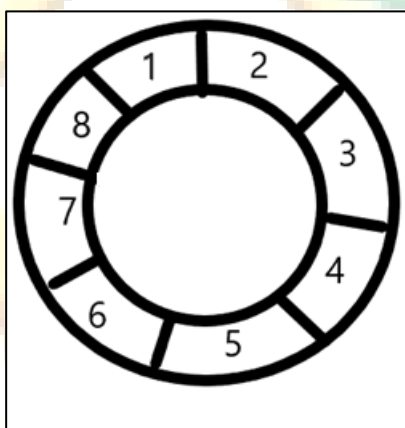
	محیط ۱ Cu - Pb -	محیط ۲ Cu +Pb -	محیط ۳ Cu -Pb +
w_{A1A1}	1.2	0.3	0.5
w_{A1A2}	0.3	1	1
w_{A2A2}	0.5	1.3	1.1

درستی یا نادرستی گزاره های زیر را تعیین کنید.

(درست/ نادرست، ۷/۵ امتیاز – هر گزاره ۱/۵ امتیاز، هر مورد نادرست ۱/۲ امتیاز)

نادرست	درست	گزاره	
		I. افزایش تقعر خط نشان دهنده ترکیب های جمعیتی در نمودار fitness set موجب افزایش شایستگی کل گونه خواهد شد.	
		II. اگر Q نسبتی از ماه های سال باشد که فلزات سنگین در آب بندر وجود دارد، شایستگی کلی این گونه باکتری با $\log Q$ ارتباط خطی دارد.	
		III. تکامل پیدا کردن inbreeding در این جمعیت از نظر شایستگی مطلوب است.	
		IV. منحنی fitness set این باکتری برای محیط های ۱ و ۲ می تواند به شکل زیر باشد، و در این صورت، بیشینه ی شایستگی جمعیت در دو ترکیب جمعیتی رخ خواهد داد که در یک حالت، پلی مورفیزم فنوتیپی و در حالت دیگر تثبیت شدن ال A2 را شاهد باشیم. <u>به پیوست رنگی مراجعه کنید.</u>	
			
		V. فرض کنید کارخانه تغییر کاربری داده و بعد از این اتفاق، در پسماندها مس وجود نداشته و به جای آن، سرب وجود داشته باشد. با فرض ثابت ماندن بقیه متغیرها، تقعر منحنی ترکیب های جمعیتی در fitness set پس از تغییر کاربری کارخانه افزایش خواهد یافت.	

پرسش ۱۵- عده ای محقق در با شگاه دانش پژوهان جوان، در نعره سکوت نیمه شب، به فکر ایجاد محیط کشتی حلقوی افتادند. آنها گونه ای باکتری را انتخاب کردند. سپس، آن را در یک محیط کشت جامد کشت دادند. اما مواد غذایی محیط کشت را فقط در حلقه بیرونی محیط کشت قرار دادند (در وسط پتری دیش بستری برای رشد باکتری ها وجود ندارد). بعد از کشت باکتری ها در پتری دیش (و قبل از اینکه باکتری ها شروع به رشد کنند) ، ظرف را طبق شکل زیر تقسیم بندی کرده (قسمت ها مساوی اند) و به باکتری های هر بخش پلازمید خاصی را انتقال دادند. شایان ذکر است که مواد متابولیسمی بیشتر از یک قسمت نمی تواند منتشر شوند. (به عنوان مثال مواد تولید شده در قسمت ۱ تنها به قسمت ۲ و ۸ امکان انتقال دارند).



در محیط کشت علاوه بر مواد غذایی معمول، پلیمری قرار دادیم که باکتری ها امکان استفاده از آن را ندارند، اما پلازمید هایی که به آنها منتقل کرده ایم امکان تولید و مصرف ترکیباتی از این پلیمر را به آنها می دهد. هر پلازمید دارای دو ژن است: ژن پروتئین سازنده ماده مغذی و ژن پروتئین مصرف کننده ماده مغذی؛ پلازمیدی که به هر قسمت انتقال دادیم دارای ژن تولید یک ماده و ژن مصرف ماده ای بوده که در قسمت موجود در خلاف عقربه های ساعت آن قسمت تولید شده بود (برای مثال باکتری های قسمت ۱ از مواد تولید شده در قسمت ۸ تغذیه می کنند و ماده تولید شده توسط آنها به مصرف اعضای قسمت ۲ می رسد).

باکتری ها پس از قرار گیری در محیط کشت ابتدا مواد مغذی موجود در آن را مصرف می کنند و پس از آن به سراغ مصرف مشتقات پلیمر که در محیط هست و برای آنها قابل استفاده است می روند. فرض کنید ژن تولید ماده مغذی از پلیمر در تمام عمر باکتری بیان می شود. همچنین فرض کنید که باکتری ها بین قسمت ها جابجا نمی شوند. مقدار مواد مغذی درون محیط کشت کم است (پس از چند ساعت تمام می شود) ولی مقدار پلیمر نامحدود است. فرض کنید اگر باکتری ها غذا بدست نیاورند می میرند. فرض کنید تمام سلول ها پلازمید دارند ولی بیان ژن های روی پلازمید هزینه بر است و ممکن است بعضی سلول ها جهش هایی پیدا کنند که یکی یا هردوی ژن های پلازمید در آنها بیان نشود و این سلول ها نسبت به بقیه سلول ها نرخ رشد بالاتری خواهند داشت.

درستی یا نادرستی گزاره های زیر را تعیین کنید.

(درست/ نادرست، ۵ امتیاز - هر گزاره ۱/۲۵ امتیاز، هر مورد نادرست ۱ امتیاز)

گزاره	درست	نادرست
۱. انتظار داریم تا زمانی که پلیمر در محیط کشت باقی مانده، باکتری ها نیز در محیط کشت وجود داشته باشند .		
۲. زندگی طولانی مدت باکتری ها در این محیط کشت تنها در صورتی امکان پذیر است که مواد مغذای محیط کشت را مرتب تجدید کنیم.		
۳. اگر بر اثر خطای فردی، پلازمید پارت ۷ و ۶ جابجا انتقال داده شود، جمعیت ۸ اولین جمعیتی خواهد بود که شروع به کاهش می کند.		
۴. متوجه شدیم محصول ژن مصرف کننده در باکتری های قسمت ۵ توانایی مصرف ماده مغذی تولید شده در هردوی قسمت های ۳ و ۴ را دارد. اگر باکتری های قسمت ۴ و ۵ بتوانند بین این دو قسمت جابجا شوند، انتظار داریم جمعیت ۴ کمتر از جمعیت ۳ باشد.		



بیوانفورماتیک مبانی تئوری آزمایشگاه / ۳۵ امتیاز (هر امتیاز معادل ۱٪ نهایی)

کلید اولیه

- Window Size = 3 (Overlapping)
 - Threshold = 10
 - Matrix: DNFull
- پرسش ۱۶) برای دو توالی DNA رندم (غیر مربوط) با خصوصیات مقابل Dotplot رسم کرده ایم.
(مجموعاً ۶/۳۵ امتیاز)

فراوانی در جمعیت مرجع توالی ها:

- A: 0.25
- T: 0.2
- G: 0.3
- C: 0.25

	A	T	G	C
A	+5	-4	-4	-4
T	-4	+5	-4	-4
G	-4	-4	+5	-4
C	-4	-4	-4	+5

پرسش ۱۶-الف) امید ریاضی چگالی Dotplot توصیف شده چقدر است (چه مساحتی از Dotplot رنگ شده است)؟ به درصد تا ۳ رقم اعشار گرد و گزارش کنید.

توجه: در مراحل محاسبات خود مقادیر را گرد و یا قطع نکنید.

(تک پاسخ عددی، ۵/۸۵ امتیاز، امتیاز منفی ندارد)

1.647% ~ 1.673%

چرک نویس (تصحیح نمی شود)

پرسش ۱۶-ب) امتیاز (Score) پنجره (Window) های Dotplot فوق از چه توزیعی پیروی می کنند؟

(تک پاسخ کلمه ای، ۵/۵ امتیاز، امتیاز منفی ۲)

The Binomial Distribution

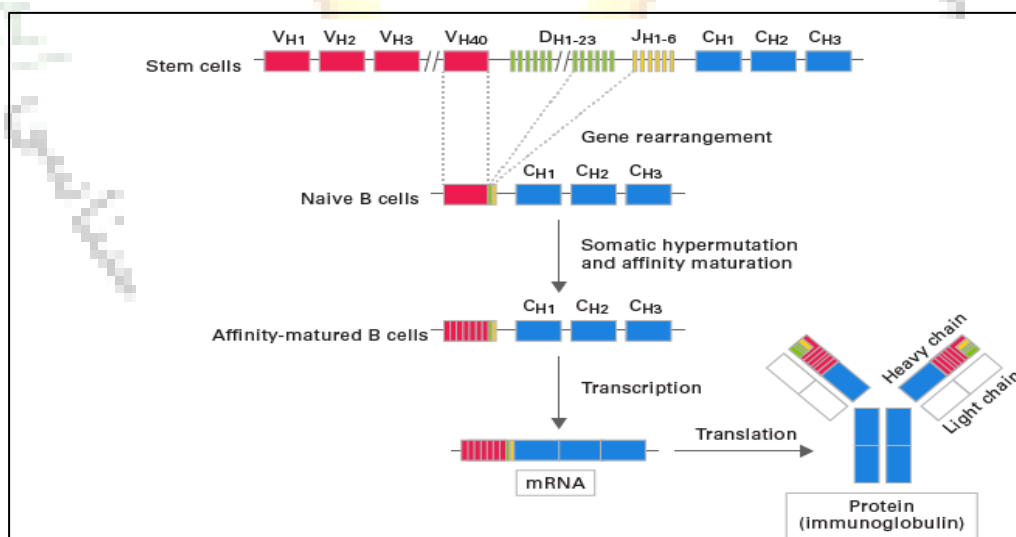
پرسش ۱۷) توانایی تولید تعداد عملاً بیشماری شناساگر، یکی از مهم ترین ارکان سیستم ایمنی برای مقابله با پاتوژن ها می باشد. درحالی که تولید این Immunoglobulin ها توسط ژن های Static با ظرفیت محدود ژنوم مغایر است؛ با تعداد محدودی از ژن های تولید کننده Immunoglobulin تنوع مورد نیاز ایجاد می شود.

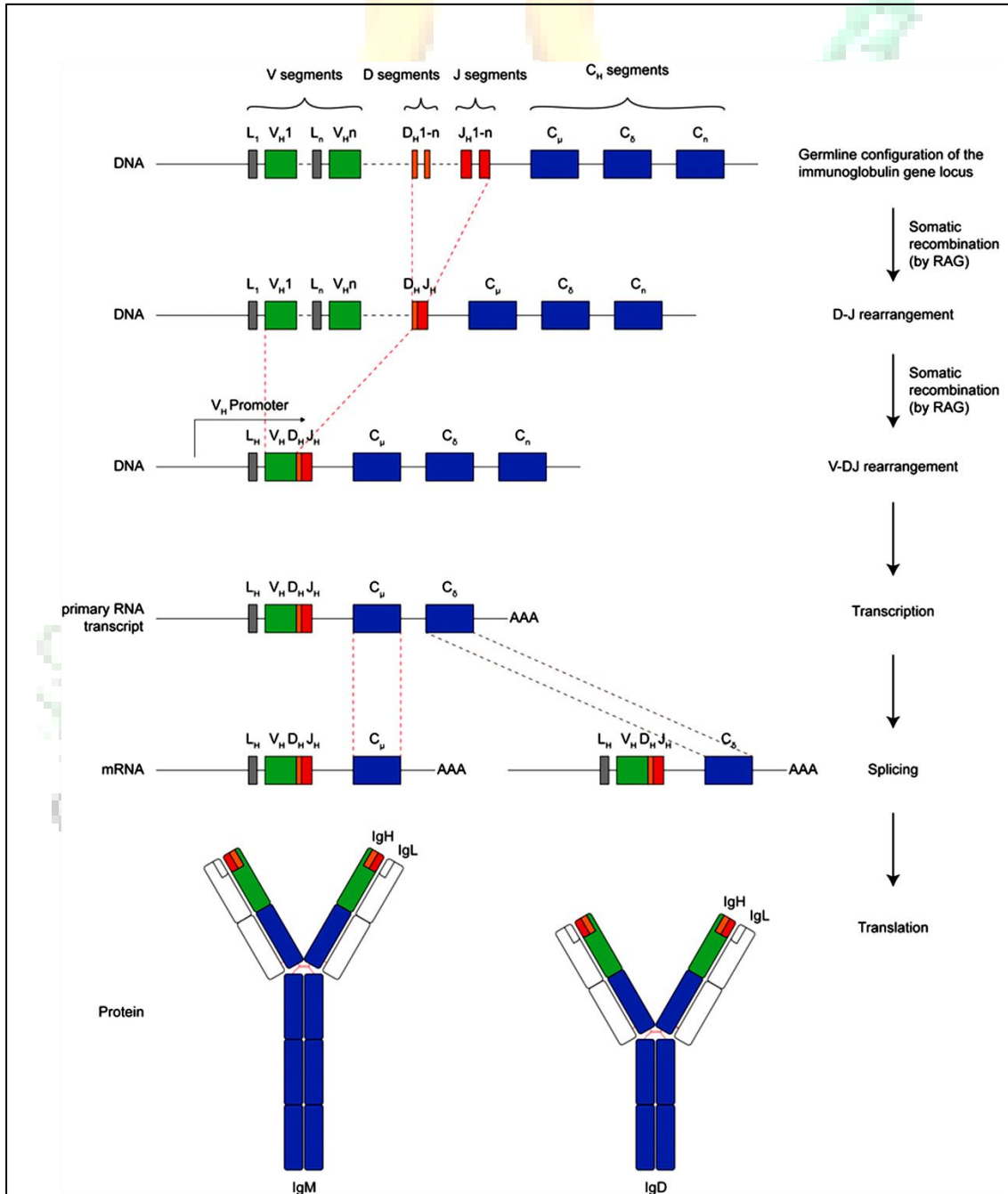
Gene locus	Ig chain	Chromosomal location	Locus size (kb)	Immunoglobulin (Ig) gene segments			
				Variable (V)	Diversity (D)	Joining (J)	Constant (C)
IGH	Heavy chain	14q32.33	1250	38–46	23	6	9
IGK	κ Light chain	2p11.2	1820 ¹	34–38	0	5	1
IGL	λ Light chain	22q11.2	1050	29–33	0	4–5	4–5

¹In one known haplotype, the locus size is reduced to 500 kb comprising only 17–19 IGκV genes.

Table 1. Number of functional human immunoglobulin gene segments in the heavy and light chain locus.

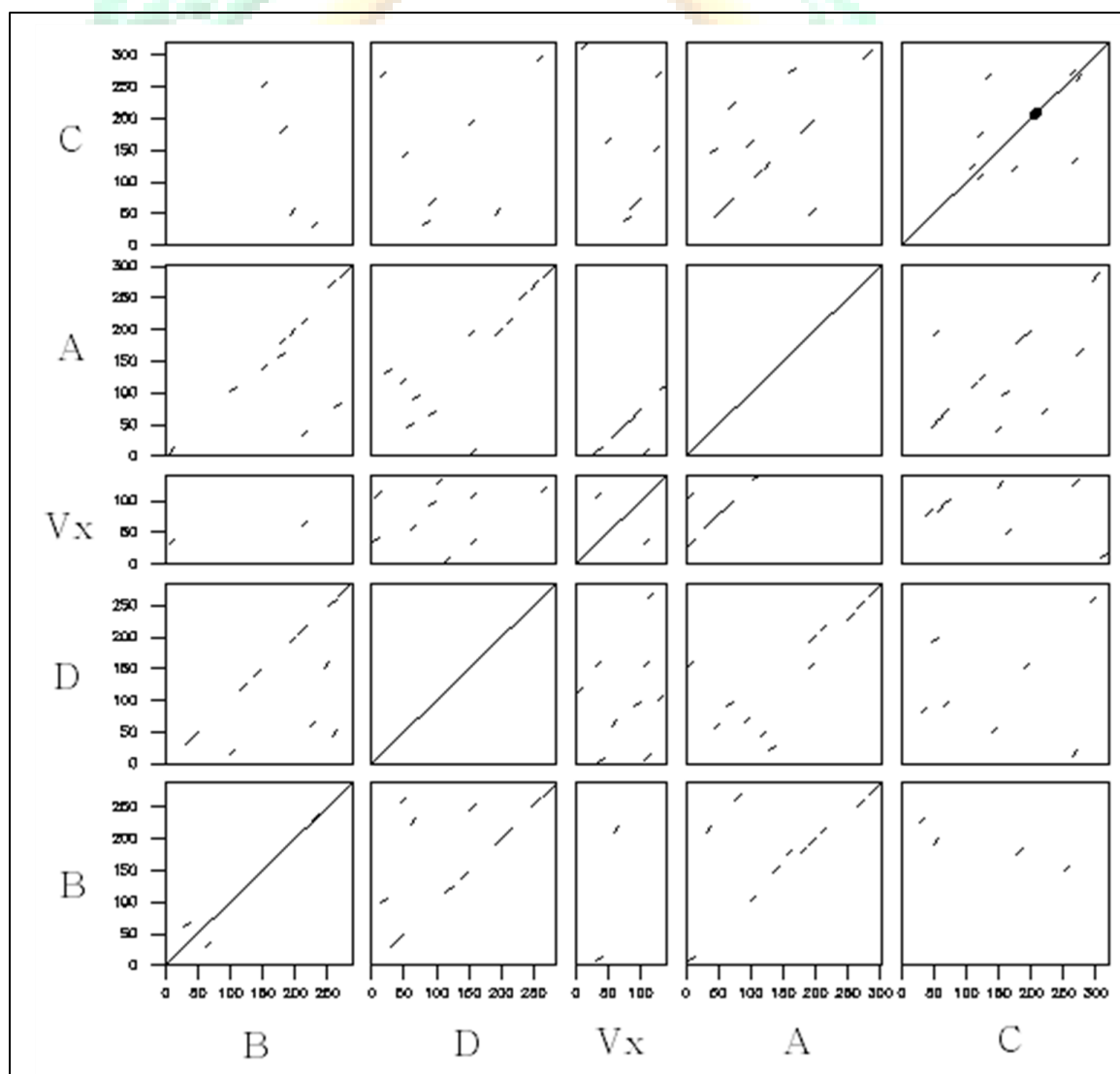
• یادآوری: این فرآیند را (برای لوکوس IGH) در عکس های زیر مشاهده می کنید:





در یک مطالعه بیوانفورماتیک محتوی mRNA مربوط به IgG4 Immunoglobulin های B بالغ (از کلون های مختلف) بعد از تبدیل به cDNA توالی یابی شد. توالی CDS (ناحیه کد کننده پروتئین) مربوط به Heavy Chain این Immunoglobulin استخراج شد.

Dotplot (با کاهش نویز مناسب) برای مقایسه دو به دو توالی های مربوط به ۴ کلون به همراه یکی از V Segment های لوکوس IGH رسم شد که به شکل زیر است:



درستی یا نادرستی گزاره های زیر را تعیین کنید.

(درست / نادرست، ۶ امتیاز ، هر مورد ۱ امتیاز ، هر مورد نادرست منفی ۰/۵)

گزاره	درست	نادرست
I. عدد V Segment بررسی شده ۱ یا نزدیک به آن است.		
II. توالی های استخراج شده فقط مربوط به Variable Region هستند.		
III. V Segment بررسی شده فقط در کلون A وجود دارد.		
IV. کلون A کمترین میزان Somatic mutation rate را داشته است.		
V. در درخت فیلوژنی کلون ها، کلون B و A کمترین فاصله را خواهند داشت.		
VI. فرآیند Rearrangement مربوط به دوران جنینی است.		

پرسش ۱۸) در هر کدام از سناریو های زیر اگر بخواهید از Alignment هایی که با آنها آشنا شده اید برای حل مساله استفاده کنید؛ مشخص کنید که از چه الگوریتمی، چه ماتریس جهشی و چه Penalty هایی برای گپ ها استفاده خواهید کرد تا نتیجه بهتری کسب کنید. برای هر مورد از بین موارد زیر انتخاب کنید: (مجموعاً ۵ امتیاز)

کلید واژگان:

الگوریتم:

a. Needleman–Wunsch

b. Smith–Waterman

ماتریس جهش:

a. PAM10

b. PAM250

c. BLOSUM62

d. BLOSUM90

End Gap Extend Penalty/ End Gap Open Penalty/ Gap Extend Penalty/Gap Open Penalty :

a. زیاد (نسبت به امتیازات ماتریس)

b. کم (نسبت به امتیازات ماتریس)

c. نزدیک به صفر (نسبت به امتیازات ماتریس)

پرسش ۱۸-الف) توضیحات سوال قبل (۱۷).

برای پیدا کردن Segment های استفاده شده از ژن اولیه در توالی نهایی استخراج شده از یک کلونی آنتی بادی خاص.
(انتخاب از بین کلید واژگان، ۱ امتیاز، امتیاز منفی به صورتی تنظیم می گردد که امید ریاضی برابر صفر شود)

End Gap Extend Penalty	End Gap Open Penalty	Gap Extend Penalty	Gap Open Penalty	ماتریس جهش	الگوریتم
		a.	a.	c.	b.

پرسش ۱۸-ب) توضیحات سوال قبل (۱۷).

برای پیدا کردن و به هم مرتبط کردن Class های دیگر یک کلونی آنتی بادی خاص (پیدا کردن IgG از روی IgM یک کلونی یکسان).
(انتخاب از بین کلید واژگان، ۱ امتیاز، امتیاز منفی به صورتی تنظیم می گردد که امید ریاضی برابر صفر شود)

End Gap Extend Penalty	End Gap Open Penalty	Gap Extend Penalty	Gap Open Penalty	ماتریس جهش	الگوریتم
a.	a.	c.	b.	d.	a.

پرسش ۱۸-ج) De novo assembly به ساخت قطعات طولانی تر توالی، در نتیجه سر هم کردن قطعات کوتاه تر، بدون استفاده از توالی مرجع گفته می شود. این تکنیک در روش های NGS به کار می رود که تعداد بالایی قطعات خوانده شده کوتاه و دارای هم پوشانی تولید می کنند.

(انتخاب از بین کلید واژگان، ۱ امتیاز، امتیاز منفی به صورتی تنظیم می گردد که امید ریاضی برابر صفر شود)

End Gap Extend Penalty	End Gap Open Penalty	Gap Extend Penalty	Gap Open Penalty	ماتریس جهش	الگوریتم
		a.	a.	d.	b.

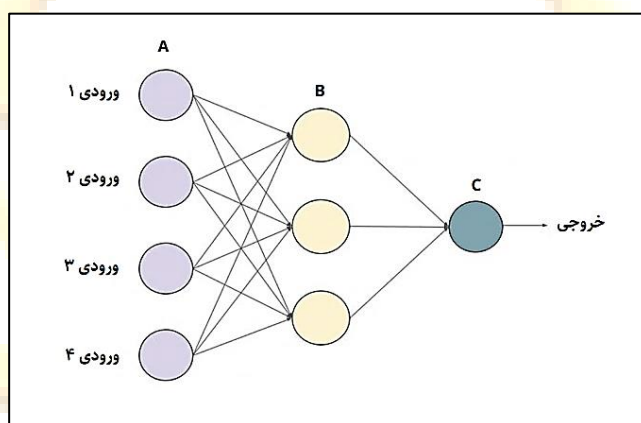
(انتخاب از بین کلید واژگان، ۲ امتیاز، امتیاز منفی به صورتی تنظیم می گردد که امید ریاضی برابر صفر شود)

Background: Neurocognitive deficits in patients with hepatitis C virus (HCV) infection prompted a search for HCV in the brain.

Results: HCV was present in the brains of 7 (54%) of 13 patients with viremia, as determined by 5' UTR and E1 (envelope 1) gene analysis. Brain HCV RNA consensus sequences differed from those in plasma and liver in 4 (57%) of 7 patients. The quality of HCV RNA from postmortem brain and liver was assessed and demonstrated to be suitable for sequence analysis. Quasispecies analysis revealed that several mutations present in clones from >1 brain region were absent in clones from liver and plasma. Brain-specific mutations defined several families of related sequences. The patterns of brain-specific mutations in these families were consistent with the evolution of HCV RNA from a common ancestor. Single-nucleotide-polymorphism analysis confirmed that a prominent brain-specific mutation constituted ~10% of HCV RNA in the cerebellum and medulla but that this mutation was undetectable in the liver and plasma of the same patient.

End Gap Extend Penalty	End Gap Open Penalty	Gap Extend Penalty	Gap Open Penalty	ماتریس جهش	الگوریتم
b.	b.	b.	b.	a.	a.

پرسش ۱۹): استفاده از یادگیری عمیق با استفاده از شبکه های عصبی عمیق (Deep Neural Networks) می تواند قدمی برای تحول بعدی حیطه بیوانفورماتیک باشد. در شبکه مورد نظر ما نورون می تواند برحسب فعال یا غیر فعال بودن (وجود یا عدم وجود پتانسیل عمل) پیام رسانی کند. انگار که هر نورون می تواند بگوید بله یا خیر. حالت ۰ را به معنی خیر و ۱ را به معنی بله در نظر می گیریم. معمولاً نورون ها به صورت تکی عمل نکرده و به شکل لایه های نورونی وجود دارند. مثلاً ۴ نورون کنار هم یک لایه را تشکیل می دهند. ویژگی اساسی هر لایه، عدم وجود ارتباط بین نورون های آن لایه است و این نورون ها تنها با نورون های لایه های قبلی و یا بعدی خود ارتباط برقرار می کنند. شکل زیر نمونه ای از شبکه نورونی با سه لایه (A، B و C) را نشان می دهد که به ترتیب دارای ۴، ۳ و ۱ نورون هستند. نورون ها از بالا به پایین شماره بندی می شوند.



هر نورون لایه A یک ورودی از محیط دریافت می کند که می تواند باعث فعال شدن یا غیرفعال شدن آن شود. سپس با نورون های لایه B ارتباط برقرار کرده که همگی از نوع تحریکی هستند. یعنی اگر نورون فعال باشد، نورونی که با آن مرتبط هست را تحریک کرده و بالعکس. حال، مثلاً اولین نورون لایه B از ۴ نورون لایه A ورودی گرفته و مثلاً اگر حداقل ۳ تای آن ها ۱ باشند، آن نیز فعال می شود. این شرایط برای هر نورون اختصاصی بوده و عامل مهمی در تعیین رفتار شبکه نورونی است. وضعیت پایه هر نورون ۰ است.

حال فرض کنید شبکه نورونی بالا به دنبال بررسی این فرضیه است که دو توالی فرضی الف و ب با یکدیگر همولوگ هستند و Identity بالایی دارند. نورون لایه C نتیجه شبکه را به ما نشان می دهد به طوری که اگر ۱ باشد به مفهوم تایید فرضیه و اگر ۰ باشد به مفهوم رد آن است. دو توالی فرضی الف و ب از جنس DNA بوده و طول آن ها برابر ۴ است. برای سادگی در نظر می گیریم که گپی در توالی ها وجود ندارد و فقط Match یا Mismatch وجود دارد.

ورودی ۱ تا ۴ به ترتیب نشان دهنده یکسان بودن یا نبودن نوکلئوتید های ۱ تا ۴ (از چپ به راست) دو توالی الف و ب هستند. مثلاً اگر هر دو توالی با A آغاز شوند، ورودی ۱ برابر ۱ بوده و اگر الف با A و ب با T شروع شوند، برابر ۰ است. شبکه پس از گرفتن ۴ ورودی با مکانیسمی نامشخص، منجر به تحریک عده ای از نورون های لایه B شده که در نهایت منجر به ایجاد پاسخ در نورون C می شود. منطقاً اگر نورونی تنها یک ورودی نورونی داشته باشد، پیرو وضعیت ۰ یا ۱ همان نورون خواهد بود. ۳ شبکه زیر توصیف شده اند:

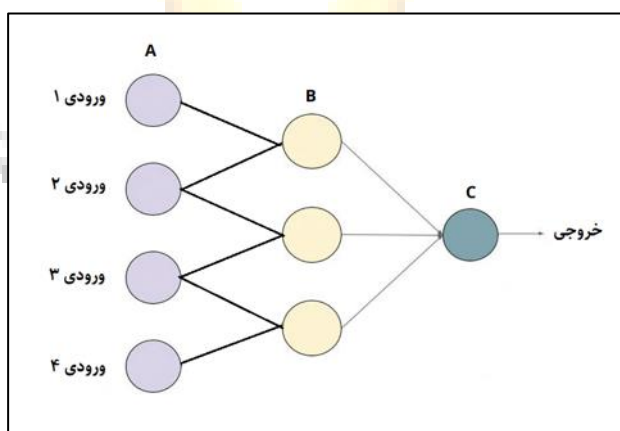
- **شبکه ۱:** هر نورون لایه B برای فعال شدن باید همه ورودی هایش ۱ باشند. نورون C نیز تنها در صورت دریافت ورودی همگی ۱ فعال می شود.
- **شبکه ۲:** هر نورون لایه B برای فعال شدن باید حداقل ۳ ورودی ۱ دریافت کند. نورون C نیز تنها در صورت دریافت ورودی همگی ۱ فعال می شود.
- **شبکه ۳:** هر نورون لایه B برای فعال شدن باید حداقل ۳ ورودی ۱ دریافت کند. نورون C در صورت دریافت حداقل ۲ ورودی ۱ فعال می شود.
- Alignment زیر را فرض گزاره های الف و د در نظر بگیرید.

ATCG
ACCA

با توجه به دانسته های خود و مطالب بالا، درستی یا نادرستی گزاره های زیر را تعیین کنید.

(درست/ نادرست، ۵ امتیاز، هر مورد ۱ امتیاز، هر مورد نادرست منفی ۰/۵)

گزاره	درست	نادرست
I. از دیدگاه شبکه ۲، الاینمنت بالا همولوگ است.		
II. شبکه ۱ حساسیت بالاتری نسبت به شبکه ۲ دارد.		
III. شبکه ۲ حساسیت بالاتری نسبت به شبکه ۳ دارد.		
IV. اگر تغییر کوچکی در شبکه ۳ به وجود آوریم به طوری که اولین نورون لایه B فقط از اولین نورون لایه A ورودی بگیرد، الاینمنت بالا در شبکه ۳ همولوگ است.		
V. اگر شبکه نورونی جدیدی به شکل زیر تعریف کنیم که نورون های لایه B نیاز به دریافت حداقل ۱ ورودی ۱ و نورون لایه C نیاز به دریافت حداقل $x > 0$ ورودی ۱ داشته باشد، فقط x های برابر ۱ و ۲ فرضیه ما را تایید می کنند.		



پرسش ۲۰) Karlin و Altschul مبانی بررسی آماری Alignment را تبیین کرده و نشان دادند که در مورد Local Alignment های بدون گپ، امتیاز های حاصل از Alignment توالی های رندم از توزیع Extreme Value Distribution نوع ۱ (توزیع Gumbel) پیروی می کنند. Altschul و همکاران بعداً مشخص کردند که این یافته ها را می توان به Local Alignment های با گپ نیز تعمیم داد. در یک پژوهش بیوانفورماتیک می خواهیم تاثیر ماتریس جهش انتخاب شده را بر توزیع بررسی کنیم (حساسیت توزیع به ماتریس انتخابی). (مجموعاً ۱۲/۶۵ امتیاز)

- مقادیر پیوسته را برای پاسخ گویی تا ۳ رقم اعشار گرد کنید.
- در مراحل محاسبات خود مقادیر را گرد و یا قطع نکنید.

Sequence Pair	PAM100 Score	BLOSUM62 Score
1	12	11
2	21	18
3	15	12
4	15	14
5	19	16

پرسش ۲۰- الف) جفت توالی های زیر همگی توسط Shuffle کردن دو توالی مرجع مشترک ایجاد شده اند.

آن ها را با توجه به مشخصات زیر و بر اساس ماتریس BLOSUM62 و PAM100، Align کرده و جدول را تکمیل کنید.

(تک پاسخ عددی در هر خانه، ۵ امتیاز، هر مورد ۰/۵ امتیاز، امتیاز منفی ندارد)

- الگوریتم: Smith-Waterman
- Gap Open Penalty: 5
- Gap Extend Penalty: 1

Origin:

Seq1: YWYEVS

Seq2: YWCEVC

Pair 1:

Seq1: VEWYYS

Seq2: ECCYVW

Pair 2:

Seq1: VESWYY

Seq1: WYECVC

Pair 3:

Seq1: EVSWYY

Seq2: CEWCYV

Pair 4:

Seq1: YVWSEY

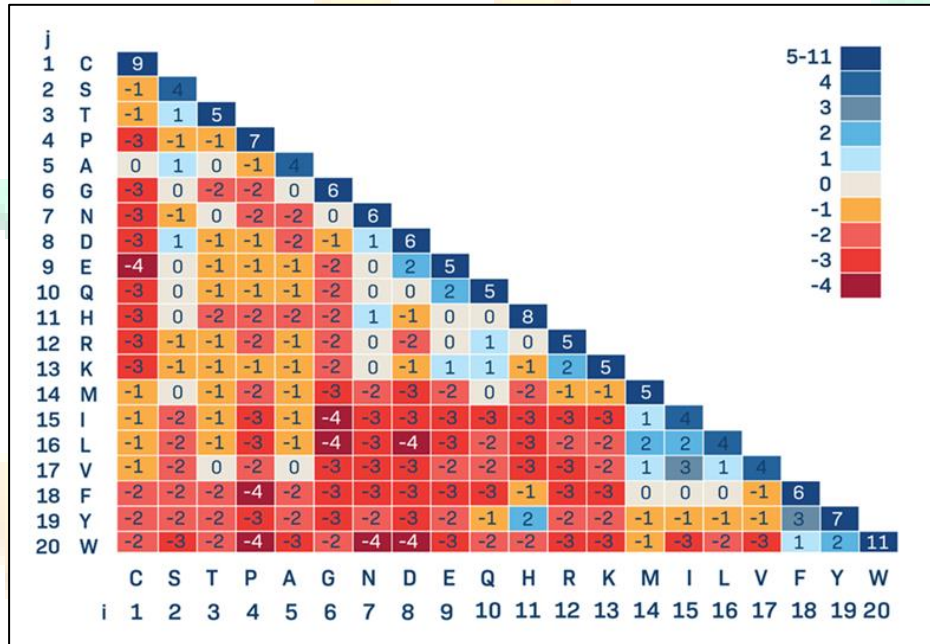
Seq1: WYECVC

Pair 5:

Seq1: SYVEYW

Seq1: YCWEVC

BLOSUM62



PAM100

	A	R	N	D	C	Q	E	G	H	I	L	K	M	F	P	S	T	W	Y	V
A	3	-2	-1	-1	-2	-1	-0	0	-2	-1	-2	-2	-1	-3	0	1	1	-5	-3	-0
R	-2	5	-1	-3	-3	0	-2	-3	0	-2	-3	2	-1	-4	-1	-1	-2	0	-4	-3
N	-1	-1	3	2	-4	-0	0	-0	1	-2	-3	0	-2	-3	-1	1	0	-3	-2	-2
D	-1	-3	2	4	-5	0	2	-0	-0	-3	-4	-1	-3	-5	-2	-1	-1	-6	-4	-3
C	-2	-3	-4	-5	6	-5	-5	-3	-3	-2	-6	-5	-5	-5	-3	-0	-3	-6	-1	-2
Q	-1	0	-0	0	-5	4	2	-2	2	-3	-2	-0	-1	-5	-0	-1	-2	-5	-4	-2
E	-0	-2	0	2	-5	2	4	-1	-1	-2	-3	-1	-2	-5	-1	-1	-1	-6	-4	-2
G	0	-3	-0	-0	-3	-2	-1	4	-3	-3	-4	-2	-3	-4	-2	0	-1	-6	-5	-2
H	-2	0	1	-0	-3	2	-1	-3	5	-3	-2	-1	-3	-2	-1	-2	-2	-3	-1	-2
I	-1	-2	-2	-3	-2	-3	-2	-3	-3	4	1	-2	1	0	-3	-2	-0	-5	-2	2
L	-2	-3	-3	-4	-6	-2	-3	-4	-2	1	4	-3	2	0	-3	-3	-2	-2	-2	0
K	-2	2	0	-1	-5	-0	-1	-2	-1	-2	-3	4	0	-5	-2	-1	-1	-4	-4	-3
M	-1	-1	-2	-3	-5	-1	-2	-3	-3	1	2	0	6	-1	-3	-2	-1	-4	-4	1
F	-3	-4	-3	-5	-5	-5	-5	-4	-2	0	0	-5	-1	5	-4	-3	-3	-1	3	-2
P	0	-1	-1	-2	-3	-0	-1	-2	-1	-3	-3	-2	-3	-4	5	0	-1	-5	-5	-2
S	1	-1	1	-1	-0	-1	-1	0	-2	-2	-3	-1	-2	-3	0	3	1	-2	-3	-2
T	1	-2	0	-1	-3	-2	-1	-1	-2	-0	-2	-1	-1	-3	-1	1	3	-5	-2	-0
W	-5	0	-3	-6	-6	-5	-6	-6	-3	-5	-2	-4	-4	-1	-5	-2	-5	9	-1	-6
Y	-3	-4	-2	-4	-1	-4	-4	-5	-1	-2	-2	-4	-4	3	-5	-3	-2	-1	6	-3
V	-0	-3	-2	-3	-2	-2	-2	-2	-2	2	0	-3	1	-2	-2	-2	-0	-6	-3	4



پرسش ۲۰- ب) حال می‌خواهیم از نظر آماری بررسی کنیم که آیا تفاوت معناداری میان Score های حاصل از این دو ماتریس وجود دارد یا مربوط به یک جمعیت (از یک توزیع) هستند. بدین منظور باید از Wilcoxon Signed Rank Test که نوعی تست Non Parametric می‌باشد، استفاده کنیم که فرمول محاسبه آن به صورت زیر است:

$$W = \sum_{i=1}^{N_r} [\text{sgn}(x_{2,i} - x_{1,i}) \cdot R_i]$$

در این فرمول، x_1 برابر با Score های PAM100 و x_2 برابر با Score های BLOSUM62 می‌باشد. R نیز رتبه اختلاف میان این دو Score را نشان می‌دهد. sgn نیز به معنی تاثیر دادن علامت مثبت یا منفی در رتبه بر اساس علامت اختلاف می‌باشد. همچنین n همان تعداد نمونه است. برای انجام این تست بر اساس فرمول بالا، بدین شکل عمل کنید:

در ابتدا باید اختلاف (Differences) میان Score های BLOSUM62 و PAM100 هر توالی را بدست آورده و رتبه ای (Ranks) به آن اختلاف اختصاص دهید. در حین رتبه بندی باید به نکات زیر توجه کنید:

- اعداد را به ترتیب از کوچک به بزرگ رتبه بندی کنید. به شکلی که کوچکترین عدد رتبه ۱ و بزرگترین عدد رتبه n باشد.
- در این مرحله برای تخصیص رتبه ها، قدر مطلق اعداد Differences را در نظر بگیرید و توجهی به علامت (مثبت یا منفی بودن) آن نکنید.
- در صورت تکراری بودن اعداد مربوط به Differences، آن ها را در هر دفعه به عنوان یک رتبه مستقل در نظر گرفته و در نهایت از رتبه آن ها میانگین بگیرید؛ به طور مثال، اگر اعداد مربوط به اختلافات شامل ۲-، ۵، ۱۰، ۱۲، ۱۲-، ۱۵- باشد، رتبه آن ها به جای ۱، ۲، ۳، ۴، ۵، ۶، ۷، بدین شکل خواهد بود: ۱ و ۲ و ۳ و ۵ و ۵ و ۷.

در ادامه، علامت (مثبت یا منفی بودن) اعداد Differences را در Ranks اعمال کنید که آن را تحت عنوان Signed Ranks می‌شناسند. نام تست نیز از همین مسئله برگرفته شده است. سپس مقادیر $W+$ (حاصل جمع رتبه های مثبت Signed Ranks) و $W-$ (حاصل جمع رتبه های منفی Signed Ranks) را محاسبه نمایید.

از میان $W+$ یا $W-$ ، هرکدام قدر مطلق کوچکتری داشته باشد، آماره (Value) تست یا همان W تلقی می‌شود که با کمک آن می‌توان در جدول مربوط به این تست (که در ادامه ارائه شده است)، به عدد p -value و نتیجه نهایی تست رسید.

با توجه به توضیحات بالا، جدول زیر را تکمیل کنید.

(تک پاسخ عددی در هر خانه، ۳.۱۵ امتیاز، هر مورد ۰/۰۷ امتیاز منفی ندارد)

Sequence pair	PAM100 Score	BLOSUM62 Score	Differences	Ranks	Signed Ranks
1			By Data :)		
2					
3					
4					
5					
6	۱۰	۱۲	2	By Data :)	By Data :)
7	۳۵	۳۳	-2		
8	۱۲	۹	-3		
9	۲۴	۲۳	-1		
10	۲۲	۲۱	-1		
11	۱۹	۱۱	-8		
12	۲۴	۱۸	-6		
13	۱۵	۱۸	3		
14	۱۲	۱۹	7		
15	۱۱	۱۰	-1		

پرسش ۲۰-ج) با کمک داده های جدول بالا، مقادیر $W+$ و $W-$ و p -value را محاسبه کرده و تعیین کنید که آیا تفاوت معنادار است یا خیر. جدول مربوط به Wilcoxon Signed Rank Test در ادامه آورده شده است.

(تک پاسخ کلمه ای و عددی، ۴ امتیاز)

W-	W+	p-value	آیا تفاوت معنادار است؟
(تک پاسخ عددی، هر مورد ۱ امتیاز، امتیاز منفی ندارد)			(تک پاسخ کلمه ای، ۱ امتیاز، امتیاز منفی ۲)
By Data :)			

- (أ) z-score
 (ب) One Sample t-test
 (ج) Paired t-test
 (د) Independent Two Sample t-test
 (ه) Chi-squared (Goodness of Fit)
 (و) Chi-squared (Test of Independence)
 (ز) Pearson Correlation Coefficient

پرسش ۲۰-د) اگر توزیع Score ها به جای Extreme Value Distribution از توزیع نرمال پیروی می کرد، باید از کدامیک از تست های زیر استفاده می کردیم؟

(تک گزینه ای، ۵/۰ امتیاز، امتیاز منفی ۱)

One-Sided	Two-Sided	$n = 5$	$n = 6$	$n = 7$	$n = 8$	$n = 9$
$p = .1$	$p = .2$	2	3	5	8	10
$p = .05$	$p = .1$	0	2	3	5	8
$p = .025$	$p = .05$		0	2	3	5
$p = .01$	$p = .02$			0	1	3
$p = .005$	$p = .01$				0	1
$p = .0025$	$p = .005$					0
$p = .001$	$p = .002$					
One-Sided	Two-Sided	$n = 15$	$n = 16$	$n = 17$	$n = 18$	$n = 19$
$p = .1$	$p = .2$	36	42	48	55	62
$p = .05$	$p = .1$	30	35	41	47	53
$p = .025$	$p = .05$	25	29	34	40	46
$p = .01$	$p = .02$	19	23	27	32	37
$p = .005$	$p = .01$	15	19	23	27	32
$p = .0025$	$p = .005$	12	15	19	23	27
$p = .001$	$p = .002$	8	11	14	18	21
One-Sided	Two-Sided	$n = 25$	$n = 26$	$n = 27$	$n = 28$	$n = 29$
$p = .1$	$p = .2$	113	124	134	145	157
$p = .05$	$p = .1$	100	110	119	130	140
$p = .025$	$p = .05$	89	98	107	116	126
$p = .01$	$p = .02$	76	84	92	101	110
$p = .005$	$p = .01$	68	75	83	91	100
$p = .0025$	$p = .005$	60	67	74	82	90
$p = .001$	$p = .002$	51	58	64	71	79
One-Sided	Two-Sided	$n = 35$	$n = 36$	$n = 37$	$n = 38$	$n = 39$
$p = .1$	$p = .2$	235	250	265	281	297
$p = .05$	$p = .1$	213	227	241	256	271
$p = .025$	$p = .05$	195	208	221	235	249
$p = .01$	$p = .02$	173	185	198	211	224
$p = .005$	$p = .01$	159	171	182	194	207
$p = .0025$	$p = .005$	146	157	168	180	192
$p = .001$	$p = .002$	131	141	151	162	173
One-Sided	Two-Sided	$n = 45$	$n = 46$	$n = 47$	$n = 48$	$n = 49$
$p = .1$	$p = .2$	402	422	441	462	482
$p = .05$	$p = .1$	371	389	407	426	446
$p = .025$	$p = .05$	343	361	378	396	415
$p = .01$	$p = .02$	312	328	345	362	379
$p = .005$	$p = .01$	291	307	322	339	355
$p = .0025$	$p = .005$	272	287	302	318	334
$p = .001$	$p = .002$	249	263	277	292	307

(continued)

One-Sided	Two-Sided	$n = 10$	$n = 11$	$n = 12$	$n = 13$	$n = 14$
$p = .1$	$p = .2$	14	17	21	26	31
$p = .05$	$p = .1$	10	13	17	21	25
$p = .025$	$p = .05$	8	10	13	17	21
$p = .01$	$p = .02$	5	7	9	12	15
$p = .005$	$p = .01$	3	5	7	9	12
$p = .0025$	$p = .005$	1	3	5	7	9
$p = .001$	$p = .002$	0	1	2	4	6
One-Sided	Two-Sided	$n = 20$	$n = 21$	$n = 22$	$n = 23$	$n = 24$
$p = .1$	$p = .2$	69	77	86	94	104
$p = .05$	$p = .1$	60	67	75	83	91
$p = .025$	$p = .05$	52	58	65	73	81
$p = .01$	$p = .02$	43	49	55	62	69
$p = .005$	$p = .01$	37	42	48	54	61
$p = .0025$	$p = .005$	32	37	42	48	54
$p = .001$	$p = .002$	26	30	35	40	45
One-Sided	Two-Sided	$n = 30$	$n = 31$	$n = 32$	$n = 33$	$n = 34$
$p = .1$	$p = .2$	169	181	194	207	221
$p = .05$	$p = .1$	151	163	175	187	200
$p = .025$	$p = .05$	137	147	159	170	182
$p = .01$	$p = .02$	120	130	140	151	162
$p = .005$	$p = .01$	109	118	128	138	148
$p = .0025$	$p = .005$	98	107	116	126	136
$p = .001$	$p = .002$	86	94	103	112	121
One-Sided	Two-Sided	$n = 40$	$n = 41$	$n = 42$	$n = 43$	$n = 44$
$p = .1$	$p = .2$	313	330	348	365	384
$p = .05$	$p = .1$	286	302	319	336	353
$p = .025$	$p = .05$	264	279	294	310	327
$p = .01$	$p = .02$	238	252	266	281	296
$p = .005$	$p = .01$	220	233	247	261	276
$p = .0025$	$p = .005$	204	217	230	244	258
$p = .001$	$p = .002$	185	197	209	222	235
One-Sided	Two-Sided	$n = 50$	$n = 51$	$n = 52$	$n = 53$	$n = 54$
$p = .1$	$p = .2$	503	525	547	569	592
$p = .05$	$p = .1$	466	486	507	529	550
$p = .025$	$p = .05$	434	453	473	494	514
$p = .01$	$p = .02$	397	416	434	454	473
$p = .005$	$p = .01$	373	390	408	427	445
$p = .0025$	$p = .005$	350	367	384	402	420
$p = .001$	$p = .002$	323	339	355	372	389

بیوانفورماتیک پیشرفته / ۴۰ امتیاز (هر امتیاز معادل ۱٪ نهایی)

پرسش ۲۱) کدام یک از عوامل زیر روند تدریجی تکامل را به هم می زند:

(۲ امتیاز، هر مورد ۰/۵ امتیاز، امتیاز منفی ۰/۲۵)

نادرست	درست
	Chromothripsis
	Genetic Exchange in Bacteria
	Transitions
	Transversion

پرسش ۲۲) بر طبق یک پیش بینی احتمال مشاهده مارپیچ های آلفا، صفحات بتا یا پیچ خوردگی تصادفی در یک مجموعه از پروتئین ها طبق جدول-۱ است.

جدول ۱: توزیع ساختارهای دوم در کل داده ها

Alpha-Helix	60%
Beta-sheets	30%
Random-coil	10%

از طرف دیگر اگر همپوشانی پروتئین های این مجموعه را با سلول های سیستم عصبی در نظر بگیریم، توزیع احتمال اینکه به ازای یک ساختار دوم مشخص، پروتئین به سلول های سیستم عصبی تعلق داشته باشد، مطابق با جدول-۲ است.

جدول ۲: توزیع احتمال اینکه به ازای یک ساختار دوم مشخص، پروتئین به سلول های سیستم عصبی ها متعلق باشد.

Alpha-Helix	40%
Beta-sheets	25%
Random-coil	35%

با استفاده از این اطلاعات، توزیع ساختارهای دوم روی سلول های سیستم عصبی را محاسبه کنید.

- تمام مراحل حل خود را بنویسید.
- امتیاز پرسش در مراحل توزیع شده است.
- لذا در صورتی که پاسخ نهایی درست نباشد امتیاز بخش های محاسباتی لحاظ خواهند شد.
- اگر پاسخ نهایی کاملاً درست باشد بدون پیش شرطی امتیاز کامل دریافت خواهد شد.

(۷ امتیاز، امتیاز منفی ندارد)

محل درج پاسخ و مراحل حل

$$P(A_i | B) = \frac{P(A_i) P(B | A_i)}{\sum_{i=1}^k P(A_i) P(B | A_i)}$$

A: ساختمان دوم؛ A1=Helix؛ A2=Beta؛ A3=Random Coil؛ B: سیستم عصبی

جدول پاسخ: توزیع ساختارهای دوم در کل داده ها

P(A1)	0.60
P(A2)	0.30
P(A3)	0.10

جدول ۲ پاسخ: توزیع احتمال اینکه به ازای یک ساختار دوم مشخص، پروتئین به سلول های سیستم عصبی ها متعلق باشد.

P(B A1)	0.40
P(B A2)	0.25
P(B A3)	0.35

محاسبه توزیع های احتمال اولیه (3 Points; Min 3)

$$\text{sum}(P(A_i) * P(B|A_i)) = 0.35$$

محاسبه P(B)؛ (1 Points; Min 1)

P(A1 B)	0.69
P(A2 B)	0.21
P(A3 B)	0.10

محاسبه توزیع های احتمال خواسته شده (7 Points; Min 3)



پرسش ۲۳) در یک حالت فرضی و بسیار ساده شده در نظر بگیرید که یک محقق بیان ۵ ژن (G1 تا G5) را در دو گروه از افراد بررسی کرده است.

- گروه اول شامل افراد سالم که پنج نفر (P1 تا P5) بوده اند.
- گروه دوم شامل افراد بیمار (C1 تا C6) که ممکن است یکی از استیج های ۲ یا ۳ از بیماری را داشته باشند.

ماتریس بیان گروه کنترل برای ۴ زمان مختلف (t_0 تا t_3) و گروه بیمار در یک زمان داده شده است:

ماتریس بیان گروه کنترل برای ۴ زمان مختلف:

t=0	G1	G2	G3	G4	G5
P1	5	4	27	98	72
P2	76	70	39	94	24
P3	17	14	25	55	39
P4	47	67	17	19	64
P5	13	93	27	67	20

t=1	G1	G2	G3	G4	G5
P1	17	25	8	86	55
P2	96	94	28	83	8
P3	28	34	13	45	23
P4	65	97	0	3	49
P5	27	115	14	57	7

t=2	G1	G2	G3	G4	G5
P1	10	32	17	115	52
P2	85	93	22	103	8
P3	6	34	9	64	53
P4	32	88	0	35	44
P5	18	123	9	65	18

t=3	G1	G2	G3	G4	G5
P1	0	32	7	100	61
P2	90	92	29	104	38
P3	36	40	15	50	20
P4	60	89	7	36	50
P5	7	118	14	51	10

ماتریس بیان گروه بیمار در یک زمان:

t=0	G1	G2	G3	G4	G5
C1	29	25	15	6	18
C2	42	30	95	90	93
C3	91	70	15	8	78
C4	81	60	75	26	41
C5	48	15	15	42	97
C6	92	65	15	30	28

محقق برای اینکه افراد دو استیج بیماری را از هم جدا کند، یک مطالعه به شرح زیر طراحی می کند:

۱. ابتدا ژن های هم بیان در گروه کنترل را پیدا می کند.

۲. سپس با استفاده از این ژن ها و فاصله منهتن (MD)، افراد را به دو کلاستر تقسیم می کند.

with p_1 at (x_1, y_1) and p_2 at (x_2, y_2) , MD is $|x_1 - x_2| + |y_1 - y_2|$

۳. در نهایت با توجه به اینکه بیان ژن G3 ارتباط مستقیمی با شدت بیماری دارد، افراد دو استیج را متمایز می کند.

با استفاده از یک رویکرد مشابه، شما نیز تعیین کنید که کدام افراد در استیج ۲ و کدام در استیج ۳ از بیماری قرار می گیرند؟
(۱۸ امتیاز، امتیاز منفی ندارد)

- تمام مراحل حل خود را بنویسید.
- امتیاز پرسش در مراحل توزیع شده است.
- لذا در صورتی که پاسخ نهایی درست نباشد امتیاز بخش های محاسباتی لحاظ خواهند شد.
- اگر پاسخ نهایی کاملاً درست باشد بدون پیش شرطی امتیاز کامل دریافت خواهد شد.

راهنمایی:

➤ با توجه به اینکه انتخاب اولیه مراکز در مدل K-Means دلخواه است بهتر است آنها را به نحوی انتخاب کنیم که محاسبات به ساده ترین شکل انجام شوند.

محل درج پاسخ و مراحل حل

t=0	G1	G2	G3	G4	G5
P1	0	0	0	0	0
P2	0	0	0	0	0
P3	0	0	0	0	0
P4	0	0	0	0	0
P5	0	0	0	0	0

t=1	G1	G2	G3	G4	G5
P1	1	1	-1	-1	-1
P2	1	1	-1	-1	-1
P3	1	1	-1	-1	-1
P4	1	1	-1	-1	-1
P5	1	1	-1	-1	-1

t=2	G1	G2	G3	G4	G5
P1	1	1	-1	1	-1
P2	1	1	-1	1	-1
P3	-1	1	-1	1	1
P4	-1	1	-1	1	-1
P5	1	1	-1	-1	1

t=3	G1	G2	G3	G4	G5
P1	-1	1	-1	1	-1
P2	1	1	-1	1	1
P3	1	1	-1	-1	-1
P4	1	1	-1	1	-1
P5	-1	1	-1	-1	-1

t=0	G1	G2	G3	G4	G5
P1	0	0	0	0	0
P2	0	0	0	0	0
P3	0	0	0	0	0
P4	0	0	0	0	0
P5	0	0	0	0	0

t=1	G1	G2	G3	G4	G5
P1	1	1	-1	-1	-1
P2	1	1	-1	-1	-1
P3	1	1	-1	-1	-1
P4	1	1	-1	-1	-1
P5	1	1	-1	-1	-1

t=2	G1	G2	G3	G4	G5
P1	1	1	-1	1	-1
P2	1	1	-1	1	-1
P3	-1	1	-1	1	1
P4	-1	1	-1	1	-1
P5	1	1	-1	-1	1

t=3	G1	G2	G3	G4	G5
P1	-1	1	-1	1	-1
P2	1	1	-1	1	1
P3	1	1	-1	-1	-1
P4	1	1	-1	1	-1
P5	-1	1	-1	-1	-1

پس ژنهای G2 و G3 به صورت هم بیان تغییر کرده اند. (Min 2; Points 3)

طبیعتاً اگر فرد نتواند در این مرحله جواب درست را پیدا کند در انجام سایر مراحل به مشکل خواهد خورد اما چون این بخش بر اساس مفاهیم زیستی طراحی شده است لذا اولویت بیشتری داشته و آمدن به این شکل قرار داده شده تا یک محقق حوزه زیست شناسی اهمیت درک صحیح از مفاهیم زیستی را بداند و اینکه مفاهیم اولویت بر محاسبات دارند.

	G1	G2	G3	G4	G5
C1		10	0		
C2		15	80		
C3		55	0		
C4		45	60		
C5		0	0		
C6		50	0		

	C1	C2	C3	C4	C5	C6
C1						
C2						
C3						
C4	95	50	70	0	105	65
C5	10	95	55	105	0	50
C6						

با توجه به توضیحات سوال فقط ژن های هم بیان در این مرحله مهم هستند و فقط آنها را در نظر می گیریم .

C5 به عنوان اولین مرکز انتخاب شد زیرا ساده ترین مختصات را داشت.

سپس C4 به دلیل اینکه بیشترین فاصله را از C5 داشت.

سپس کمترین مختصات موجود از تمام اعداد کسری شد زیرا باعث ساده شدن محاسبات می شود ولی در نتیجه تاثیر نمی گذارد

سپس تمام فواصل از این دو نقطه حساب شدند. (5 Points; Min 5)

	C1	C2	C3	C4	C5	C6
C1						
C2						
C3						
C4	95	50	70	0	105	65
C5	10	95	55	105	0	50
C6						

	G1	G2	G3	G4	G5
C1		10	0		
C2		15	80		
C3		55	0		
C4		45	60		

C5		0	0		
C6		50	0		
C2+C4		30	70		
C1+C3+C5+C6		28.75	0		

افراد با توجه به اینکه به C4 نزدیک ترند یا به C5، به دو گروه تقسیم شدند. مرکز هر گروه محاسبه شد و سپس فاصله تمام افراد تا این مراکز به دست آمد.

	C1	C2	C3	C4	C5	C6
C2+C4	90	25	95	25	100	90
C1+C3+C5+C6	18.75	93.75	26.25	76.25	28.75	21.25

با توجه به اینکه در محاسبه جدید دوباره نقاط مشابه با مرحله قبل در یک گروه قرار می گیرند محاسبه کامل شده است. پس

C4، C2 در یک گروه و C6، C5، C3، C1 در گروه دیگر قرار می گیرند. (7 Points; Min 6)

با توجه به اینکه ممکن است افراد راه حل های متفاوت را در حل مسئله انتخاب کنند، لذا اگر هر با در نظر گرفتن نقاطی به جز ۳۴ و ۳۵ حل این بخش را شروع کرده باشد، ممکن است مراحل حل متفاوت باشد اما چون جواب نهایی ثابت است اگر در نهایت به جواب مشابهی رسید، امتیاز کامل این بخش و بخش قبل را می گیرد.

البته چون هدف این بوده است که افراد خلاقیت های محاسباتی را داشته باشند لذا طبیعتاً انتخاب نقاط دیگر منجر به طولانی شدن زمان و احتمالاً عدم حل مسئله به طور کامل خواهد شد.

t=0	G1	G2	G3	G4	G5
C1	29	25	15	6	18
C2	42	30	95	90	93
C3	91	70	15	8	78
C4	81	60	75	26	41
C5	48	15	15	42	97
C6	92	65	15	30	28

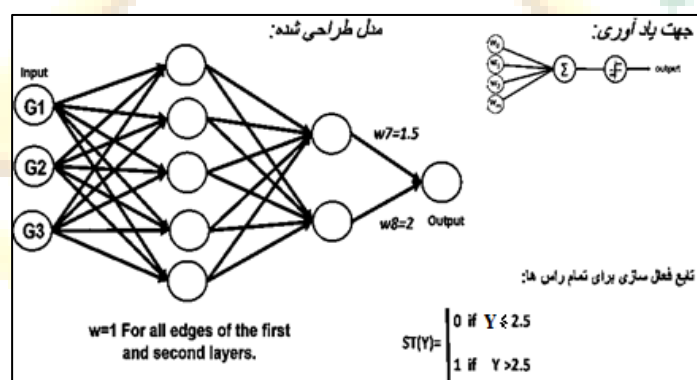
با توجه به اینکه بیان ژن ۴G رابطه مستقیم با شدت بیماری دارد، و این که بیان در گروه C4، C2 بسیار بیشتر بوده؛ پس این گروه دارای استیج بالاتری از بیماری است (18 Points; Min 2).

پرسش ۲۴) در بررسی ساخت یک کیت ژنتیکی برای تشخیص نوع یک دیابت مشخص شد که سه جایگاه ژنی (G1 تا G3) با وزن یکسانی در ایجاد دیابت نوع یک موثر اند؛ البته هر کدام از این جایگاه ها می توانند بر روی یکی از نسخه ها یا هر دوی آن ها دارای جهش باشند (جدول ۱).

جدول ۱) مطابق جدول مشخص است که در هر جایگاه ژنی باز پایه (مرجع) چه است و اگر جهشی رخ داده باشد (به بیان دیگر پلی مورفیسمی وجود داشته باشد) چه بازی دیده می شود.

جایگاه ژنی	Reference	Alternative
G1	A	T
G2	C	G
G3	G	A

در یک تحقیق بر اساس شبکه های عصبی یک مدل شبکه عصبی برای این جایگاه های ژنی به صورت زیر ساخته شده است (شکل ۱):



شکل ۱) مدل شبکه عصبی ساخته شده که دارای یک لایه ورودی، دو لایه پنهان و یک خروجی است. لایه های پنهان به ترتیب دارای ۵ و ۲ راس هستند.

- با توجه به یکسان بودن اثر جایگاه های ژنی، وزن تمام یال ها به جز دو یال آخر مساوی یک ($W=1$) است.
- $W_8=2$ و $W_7=1.5$
- بر روی هر راس یک تابع $AF = \text{activation function}$ به صورت یک تابع پله ای (STEP) عمل می کند و اگر مقدار نهایی از $2/5$ بیشتر باشد، آن را یک و و در غیر این صورت آن را صفر لحاظ می کند.

همچنین برای کمی سازی تنوع ژنتیکی، طبق جدول ۲، اگر بر روی یک جایگاه ژنی تفاوتی با ژن مرجع وجود نداشته باشد، عدد صفر، اگر بر روی یکی از نسخه ها تفاوت وجود داشته باشد، عدد یک و اگر بر روی هر دو نسخه تفاوت وجود داشته باشد، عدد دو در توصیف آن استفاده می شود (additive model).

جدول ۲) امتیاز هر جایگاه بر اساس مدل Additive و این که آیا آن جایگاه دارای باز مرجع است یا باز تغییر یافته.

Additive model:	
Ref/Ref	0
Alt/Ref	1
Ref/Alt	1
Alt/Alt	2

اگر این مدل را برای افراد P1 تا P5 استفاده کنیم که وضعیت ژنتیکی آنها در جدول ۳ داده شده است. مشخص کنید که کدام یک از آنها شانس ابتلا به دیابت نوع یک را دارند؟

جدول ۳) این جدول نتایج PCR را برای افراد P1 تا P5 در موقعیت های ژنی G1 تا G3 نشان می دهد.

	P1	P2	P3	P4	P5
G1	Alt/Ref	Ref/Ref	Alt/Alt	Ref/Alt	Alt/Alt
G2	Alt/Alt	Alt/Ref	Alt/Ref	Ref/Ref	Alt/Ref
G3	Ref/Ref	Ref/Alt	Alt/Alt	Ref/Ref	Alt/Alt

(۱۳ امتیاز، امتیاز منفی ندارد)

- تمام مراحل حل خود را بنویسید.
- امتیاز پرسش در مراحل توزیع شده است.
- لذا در صورتی که پاسخ نهایی درست نباشد امتیاز بخش های محاسباتی لحاظ خواهند شد.
- اگر پاسخ نهایی کاملاً درست باشد بدون پیش شرطی امتیاز کامل دریافت خواهد شد.

دوره المپیاد

محل درج پاسخ و مراحل حل

ابتدا جدول امتیاز ها را بر اساس مدل Additive برای هر فرد در هر جایگاه به دست می آوریم.

(Min 2; Points 3)

جایگاه ژنی P1	Additive model	First Layer	Activation	Second Layer	Activation	Final
		3	1			
G1	1	3	1	5	1	3.5
G2	2	3	1	5	1	
G3	0	3	1			
		3	1			

جایگاه ژنی P2	Additive model	First Layer	Activation	Second Layer	Activation	Final
		2	0			
G1	0	2	0	0	0	0
G2	1	2	0	0	0	
G3	1	2	0			
		2	0			

جایگاه ژنی P3	Additive model	First Layer	Activation	Second Layer	Activation	Final
		5	1			
G1	۲	5	1	5	1	3.5
G2	۱	5	1	5	1	
G3	۲	5	1			
		5	1			

جایگاه ژنی P4	Additive model	First Layer	Activation	Second Layer	Activation	Final
		2	0			
G1	۱	2	0	0	0	0

G2	۰	2	0	0	0	
G3	۰	2	0			
		2	0			

جایگاه ژنی P5	Additive model	First Layer	Activation	Second Layer	Activation	Final
		5	1			
G1	۲	5	1	5	1	3.5
G2	۱	5	1	5	1	
G3	۲	5	1			
		5	1			

محاسبه هر ماتریس دو نمره (Min12; Points 10)

دوره المپیاد زیست شناسی

اپیدمیولوژی / ۳۰ امتیاز (هر امتیاز معادل ۱/۱۰۰٪ نهایی)

پرسش ۲۵) در یک جامعه تعداد موارد مرگ و میر ناشی از کووید-۱۹، ده برابر جامعه دیگر است، **چهار نکته** اپیدمیولوژیک در بررسی این اطلاعات را انتخاب کنید.

(درست +، ۲ امتیاز، هر مورد ۰.۵ امتیاز، هر مورد نادرست منفی ۰.۵)

گزاره	درست
I. مشخص نبودن صورت کسر	نادرست (-) / خالی
II. تفاوت در تعریف بیماری	درست
III. مشخص نبودن مخرج کسر	درست
IV. تشابه در تشخیص بیماری	نادرست (-) / خالی
V. تفاوت در گزارش دهی	درست
VI. تشابه در تعیین کووید به عنوان علت مرگ	نادرست (-) / خالی
VII. تفاوت در تعیین دیگر علل مرگ	درست
VIII. تشابه در گزارش گیری	نادرست (-) / خالی

پرسش ۲۶) در یک نمونه ۲۰۰۰ نفره، شیوع پرفشاری خون ۲۰

درصد بوده است. به دنبال ۶ ماه درمان، کنترل فشارخون در ۲۵ درصد از افراد مبتلا مشاهده شده است. اگر بروز شش ماهه فشار خون در این نمونه، ۱۵ درصد باشد، شیوع فشار خون در پایان دوره شش ماهه چند درصد است؟ موارد جدید بهبودی نداشته اند.

(تک پاسخ عددی، ۵ امتیاز، امتیاز منفی ندارد)

۲۷ درصد

پرسش ۲۷) چهار معیار اصلی اثبات رابطه علیتی را انتخاب کنید.

(درست +، ۲ امتیاز، هر مورد ۰.۵ امتیاز، هر مورد نادرست منفی ۰.۵)

گزاره	درست
I. Temperamentality	نادرست (-) / خالی
II. Temporality	درست
III. Strength of association	درست
IV. Dose response	درست
V. Specificity of association	نادرست (-) / خالی
VI. Dissimilarity to other studies	نادرست (-) / خالی
VII. Biological plausibility	درست
VIII. Biopsychosocial association	نادرست (-) / خالی

پرسش ۲۸) در یک مطالعه بر روی ۴۰۰ نفر، فراوانی نتیجه مثبت آزمون در کل، ۱۸۰ و شیوع بیماری ۶۰ درصد بوده است. به شرط وجود بالاترین حساسیت ممکن برای این آزمون، ارزش اخباری منفی آزمون در یک جامعه با شیوع ۲۰ درصد، چند درصد است؟

(تک پاسخ عددی، ۵ امتیاز، امتیاز منفی ندارد)

۹۴/۱۱ درصد

پرسش ۲۹) خصوصیات اصلی مطالعه هم‌گروهی و مورد-هم‌گروهی را مشخص کنید.

(درست +، ۵ امتیاز، هر مورد ۰/۵ امتیاز، هر مورد نادرست منفی ۰/۵، امکان انتخاب هیچ یک و یا چند مورد وجود دارد)

مورد هم‌گروهی	هم‌گروهی	خصوصیات
نادرست (-) / خالی	درست +	I. آینده نگر بودن
نادرست (-) / خالی	درست +	II. محاسبه خطر نسبی RR
درست +	درست +	III. محاسبه نسبت شانس OR
نادرست (-) / خالی	نادرست (-) / خالی	IV. تخصیص تصادفی
نادرست (-) / خالی	درست +	V. بررسی چند پیامد به طور همزمان
درست +	درست +	VI. امکان همسان سازی
نادرست (-) / خالی	نادرست (-) / خالی	VII. خطای Recall
نادرست (-) / خالی	درست +	VIII. خطای Contamination
نادرست (-) / خالی	درست +	IX. تغییر هم گروه
نادرست (-) / خالی	درست +	X. برآورد بروز

پرسش ۳۰) در یک مطالعه، هدف تعیین اثر یک داروی جدید در کنترل قند خون بیماران مبتلا به دیابت است، نکاتی که در طراحی مطالعه تأثیر مثبت دارد را انتخاب کنید.

(درست +، ۲ امتیاز، هر مورد ۰/۵ امتیاز، هر مورد نادرست منفی ۰/۵)

گزاره	درست
I. همسان سازی انفرادی دو گروه	نادرست (-) / خالی
II. کورسازی مشاهده گران به تنهایی	نادرست (-) / خالی
III. تخصیص تصادفی بر اساس توالی ساده	نادرست (-) / خالی
IV. کورسازی بیماران به تنهایی	درست +
V. همسان سازی گروهی دو گروه	نادرست (-) / خالی
VI. تخصیص تصادفی بر اساس بلوک‌های تصادفی	درست +
VII. استفاده یکسان از اطلاعات پرونده ها	درست +
VIII. تعیین حجم نمونه مناسب	درست +
IX. انتخاب بیماران بر اساس نمونه گیری خوشه ای	نادرست (-) / خالی

پرسش ۳۱) پیش شرط های آزمون ANOVA را بر اساس راه اثبات تحقق آنها را به درستی انتخاب کنید.

(درست + انتخاب یک گزینه از هر ردیف، ۳ امتیاز، هر مورد ۰/۵ امتیاز، هر مورد نادرست منفی ۰/۵)

پیش شرط نیست	آزمون F	تعداد در هر زیر گروه ۳۰ و بیشتر	متدولوژی	
				۱. مستقل بودن زیرگروه های متغیر کیفی
				۲. مستقل بودن متغیر کمی
				۳. نرمال بودن توزیع متغیر کمی در زیر گروه متغیر کیفی
				۴. نرمال بودن توزیع متغیر کمی در کل
				۵. تساوی میانگین ها
				۶. تساوی واریانس ها

پرسش ۳۲) مشخصات error bar و scatter را به درستی انتخاب کنید.

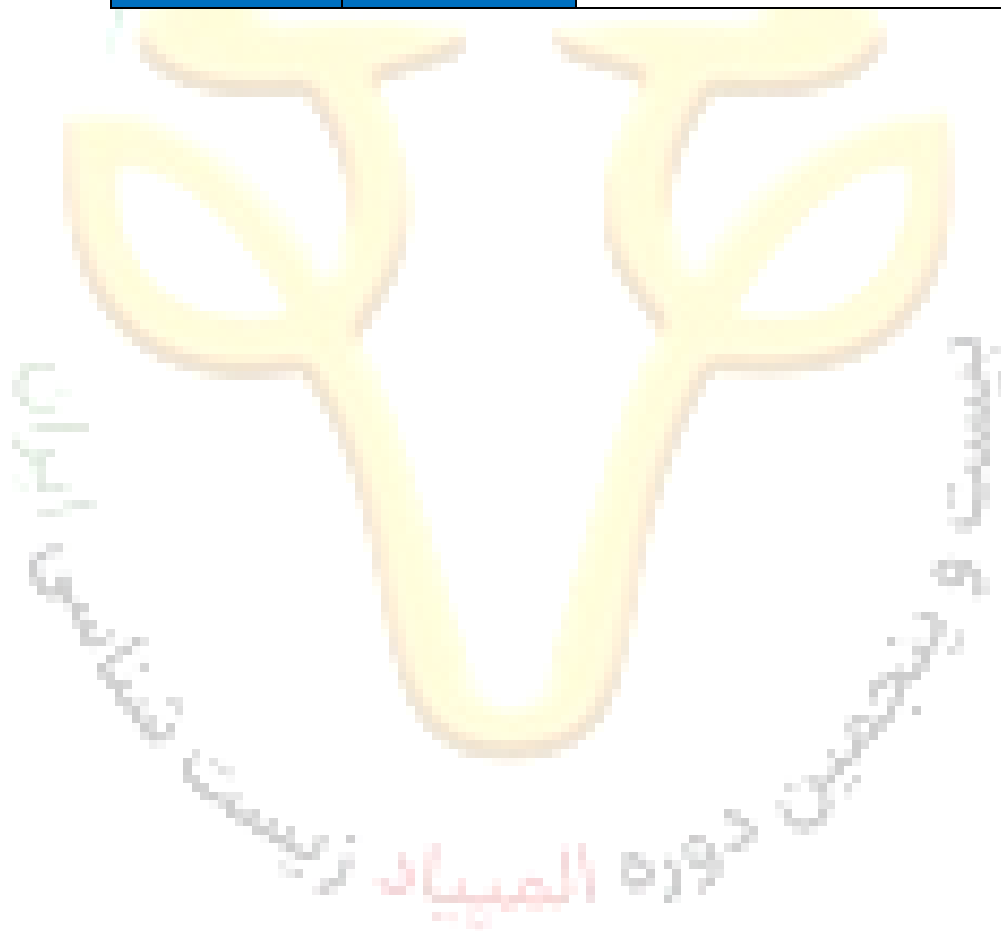
(درست +، ۲ امتیاز، هر مورد ۰/۲۵ امتیاز، هر مورد نادرست منفی ۰/۲۵)

error bar	scatter	مشخصات
		۱. توصیف و مقایسه وضعیت متغیر کمی و کیفی
		۲. بررسی ارتباط دو متغیر کمی
		۳. نمایش توزیع توأم دو متغیر و شکل ارتباط
		۴. نمایش میانگین و دامنه اطمینان ۹۵%
		۵. نمایش تفاوت بین زیرگروه ها همراه با معنی داری
		۶. قابل استفاده برای متغیرهای کمی پیوسته و گسسته
		۷. بهترین نمودار جهت نمایش ارتباط متغیرها

پرسش ۳۳) خصوصیت های ضریب همبستگی و ضریب تعیین را به درستی انتخاب کنید.

(درست +، ۴ امتیاز، هر مورد ۰/۵ امتیاز، هر مورد نادرست منفی ۰/۲۵، امکان انتخاب هیچ یک و یا چند مورد وجود دارد)

خصوصیات		ضریب تعیین	ضریب همبستگی
۱.	دامنه از ۱- تا ۱		
۲.	نشاندهنده میزان پیشگوئی کنندگی رابطه		
۳.	بیان بر حسب درصد		
۴.	نشاندهنده قدرت رابطه		
۵.	محاسبه از داده های خام		
۶.	علامت آن نشاندهنده جهت ارتباط		
۷.	قابل محاسبه برای متغیرهای کمی و کیفی رتبه ای		



سایکوفیزیک / ۱۰ امتیاز (هر امتیاز معادل ۱٪ نهایی)

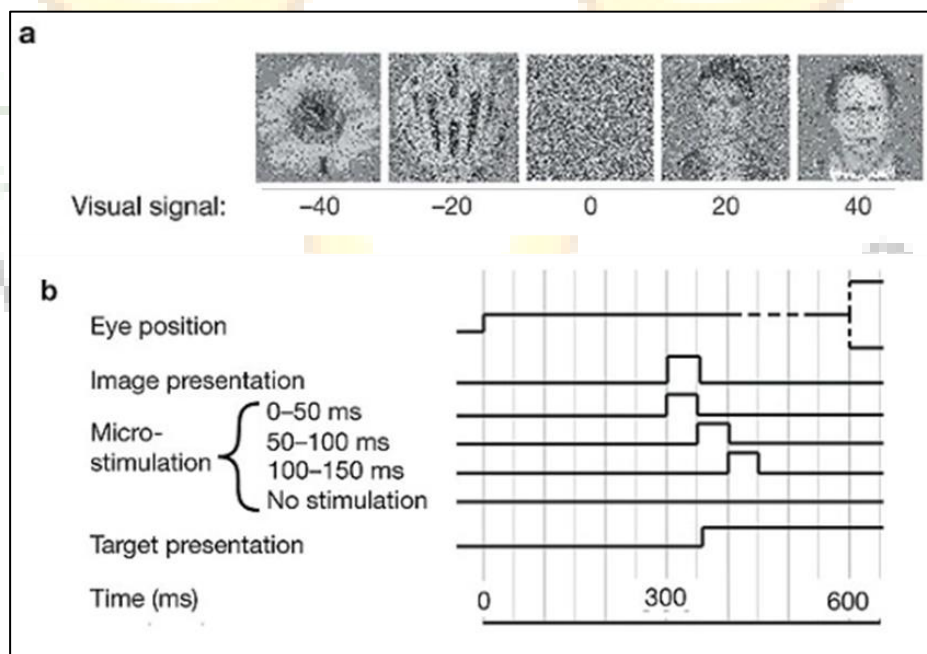
پرسش ۳۴) با توجه به متن و تصاویر زیر لطفاً به سوالات راجع به تصویر پاسخ دهید: (مجموعاً ۶ امتیاز)

خلاصه ی مطالعه:

A direct causal link between the activity of face-selective neurons and face perception has not been demonstrated. In the present study of macaque monkeys, we artificially activated small clusters of face selective inferior temporal cortex (IT) neurons by means of electrical microstimulation¹ while the monkeys performed a categorization task, judging whether noisy visual images belonged to 'face' or 'non-face' categories.

روش اجرای آزمایش:

In each trial, the monkey was presented briefly (54 ms) with a face or a non-face image degraded by noise. Subsequently, the monkey was required to indicate whether the image was a face or a non-face with eye movement.

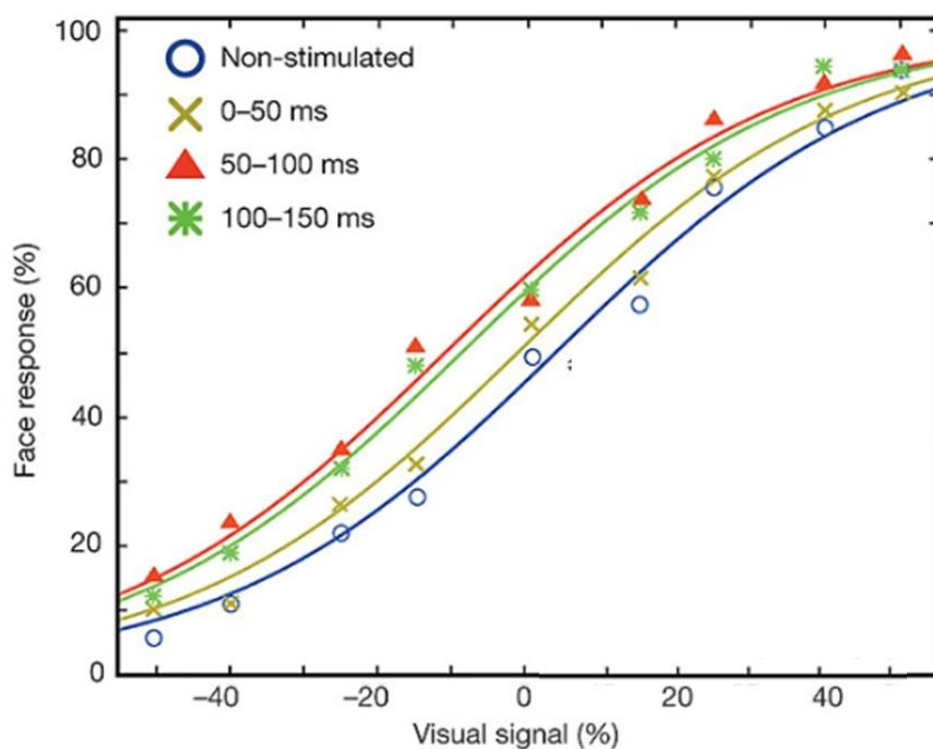


¹ Because of its relatively precise temporal and spatial characteristics, microstimulation is a particularly powerful tool for establishing causal relationships between physiologically characterized neurons and behavioural performance.

توضیح شکل:

a. One example of face and non-face images with varying amounts of noise that were used in the face categorization task. **b.** Timing of events in each categorization trial. One of the four possible microstimulation conditions shown was applied randomly in each trial.

شکل مورد سوال (به پیوست رنگی مراجعه کنید):



توضیح شکل:

Data points show the proportion of face choices for different levels of visual signal in the images for different microstimulation conditions.

ترمینولوژی سوال یک:

- چهره/غیر چهره = face/non-face
- تصویر = image
- حساس به چهره = face selective
- تحریک الکتریکی = microstimulation
- حالات تحریک الکتریکی: آبی (بدون تحریک) ، زرد (تحریک در ۰ تا ۵۰ میلی ثانیه)، قرمز (تحریک در ۵۰ تا ۱۰۰ میلی ثانیه)، و سبز (تحریک در ۱۰۰ تا ۱۵۰ میلی ثانیه)
- سیگنال بینایی = visual signal

پرسش ۳۴-الف) درستی یا نادرستی گزاره های زیر را تعیین کنید. (تفاوت های کمتر از ۵% را صفر در نظر بگیرید).

(درست/ نادرست، ۵ امتیاز، هر مورد ۵/۰ امتیاز، هر مورد نادرست منفی ۲۵/۰)

گزاره	درست	نادرست
I. تحریک الکتریکی نورون های حساس به چهره باعث افزایش حساسیت میمون در درک تفاوت چهره و غیرچهره گردید.		
II. همزمانی تحریک الکتریکی و پخش تصویر در میمون کمترین بایاس را ایجاد کرده است.		
III. میمون بدون تحریک الکتریکی بایاس دارد که تصاویر غیر چهره را چهره تشخیص دهد.		
IV. هرچه فاصله ی زمانی تحریک با پخش تصویر بیشتر باشد، بایاس میمون به سمت تشخیص تصویر چهره بیشتر خواهد بود.		
V. در حالتی که تحریک الکتریکی بلافاصله بعد از اتمام پخش تصویر صورت گرفته، میمون تصاویر غیر چهره را در سیگنال ۲۰- (منفی بیست) بیشتر چهره تشخیص می داده است.		
VI. سیگنال بینایی بالای ۱۰ (ده) اطلاعات بیشتری از PSE میمون در شرایط مختلف تحریک به ما نمی دهد.		
VII. سیگنال بینایی بالای ۴۰ (چهل) اطلاعات بیشتری از PSE میمون در شرایط مختلف تحریک به ما نمی دهد.		
VIII. سیگنال بینایی زیر ۱۰- (منفی ده) اطلاعات بیشتری از PSE میمون در شرایط مختلف تحریک به ما نمی دهد.		
IX. سیگنال بینایی زیر ۴۰- (منفی چهل) اطلاعات بیشتری از PSE میمون در شرایط مختلف تحریک به ما نمی دهد.		
X. در این مطالعه محققان توانسته اند رابطه علی بین عملکرد نورون های حساس به چهره در کورتکس IT و دسته بندی تصاویر به حداقل دو دسته چهره و غیرچهره را نشان دهند.		

پرسش ۳۴-ب) مورد یا مواردی را انتخاب کنید که این جمله را به درستی تکمیل می‌کنند:

در مطالعه نام برده، تحریک الکتریکی، (PSE) Point of Subjective Equality میمون را به سمت تشخیص بایاس کرده است. (تفاوت های کمتر از ۵٪ را صفر در نظر بگیرید).

(درست +، ۵/۰ امتیاز، در صورتیکه پاسخ درست بیش از یک مورد باشد، امتیاز به مساوات میان آنها تقسیم می‌شود. هر مورد نادرست منفی معادل)

درست		
	چهره	ا.۱
	غیر چهره	ا.۱۱

پرسش ۳۴-ج) مورد یا مواردی را انتخاب کنید که این جمله را به درستی تکمیل می‌کنند:

در مطالعه نام برده، در حالت (حالات) تحریک میمون بین تصاویر غیر چهره ۱۰- (منفی ده) و تصاویر چهره تفاوتی احساس نمی کرده است. (تفاوت های کمتر از ۵٪ را صفر در نظر بگیرید).

(درست +، ۵/۰ امتیاز، در صورتیکه پاسخ درست بیش از یک مورد باشد، امتیاز به مساوات میان آنها تقسیم می‌شود. هر مورد نادرست منفی معادل)

درست		
	آبی	ا.۱
	زرد	ا.۱۱
	سبز	ا.۱۱۱
	قرمز	ا.۱۱۱۱

پرسش ۳۵) با توجه به توضیحات و مثال زیر لطفاً به سوالات راجع به تصویر پاسخ دهید:

(مجموعاً ۴ امتیاز)

خلاصه مطالعه:

Temporal attention is the prioritization of information and orienting of attention to a specific point in time. Temporal attention improves visual performance. On the other hand, spatial attention improves speed of processing more at locations at

which discriminability is lower, but it improves discriminability to the same extent across iso-eccentric² locations. In this study, we investigated whether temporal attention benefits discriminability in a similar or differential way across the visual field.

روش اجرای مطالعه:

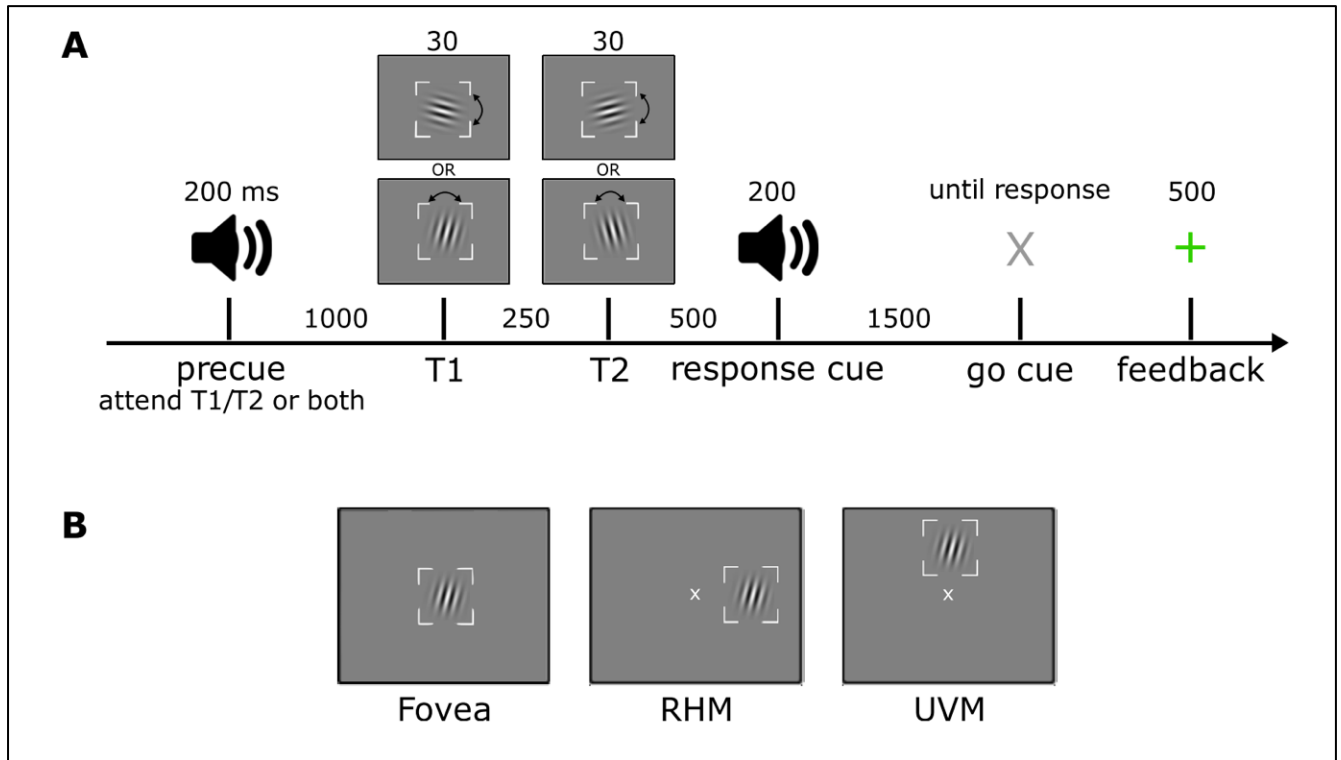
Observers were asked to discriminate the orientation of one of two grating patches. During each experimental session and on each trial, two targets (T1 and T2) were presented serially at the same spatial location but separated in time by 250 ms. Placement of the stimuli varied depending on the session. Each observer was tested twice at the three spatial locations (fovea, Right Horizontal Meridian (RHM), and Upper Vertical Meridian (UVM)). Location order was randomized for each observer. Each session consisted of five 64-trial blocks (total of 320 trials).

At the beginning of each trial, a precue tone was presented 1,000 ms before the first target and instructed observers to temporally attend to one of the two targets (T1 or T2) (these are called valid trials) or both targets (these are called neutral trials). Target presentation lasted 30 ms. A response cue 500 ms after stimulus presentation

indicated which target's orientation to report. On valid trials, the response cue matched the precue; on neutral trials, the response cue 50% asked about T1 and 50% asked about T2.

Observers reported the tilt of the probed target by pressing a key (1 = counterclockwise, 2 = clockwise) on a keyboard. A "go" cue, which was when the fixation cross turned gray for 1,500 ms after the response cue, indicated the start of the response period. This response delay was included to emphasize accuracy and reduce speed-accuracy trade-offs. Response time was unlimited, and reaction times were calculated from the start of the response period. After each response, observers received visual feedback in the form of a green "+" or red "X" presented at the center of screen for 500 ms.

^۲ با فاصله شعاعی یکسان از مرکز میدان بینایی (یا همان fixation point)



توضیحات شکل:

A. Illustration of a trial sequence at the fovea (center of gaze). Each target could be tilted clockwise or counterclockwise on vertical or horizontal axis. **B.** All tested locations.

ترمینولوژی سوال:

- توجه زمانی = temporal attention
- توجه مکانی = spatial attention
- تمایز = discriminate
- میدان بینایی = visual field
- مرکز میدان بینایی = fixation (point) or center of gaze or fovea
- اشاره = cue
- شرایط = conditions

پرسش ۳۵-الف) در حداکثر یک خط، سوال مورد بررسی این مطالعه را به فارسی بنویسید.

(جمله با واژگان مشخص: کاملترین پاسخ امتیاز کامل می‌گیرد، ۱ امتیاز، امتیاز منفی ندارد)

سوال مورد بررسی:

ترجمه ی این جمله:

we investigated whether temporal attention benefits discriminability in a similar or differential way across the visual field.

آیا توجه زمانی در تمام نقاط میدان بینایی به صورت یکسان باعث بهبود تمایزپذیری می‌گردد یا به صورت متفاوت؟

پرسش ۳۵-ب) برای مطالعه مطرح شده در این سوال تمام Cell Design ها را لیست کنید (فارسی یا انگلیسی یا ترکیبی از هر دو).

(تک پاسخ کلمه ای در هر خانه: ممکن است نیاز به تکمیل همه خانه ها نباشد، ۳ امتیاز، امتیاز به مساوات میان آنها تقسیم می‌شود، امتیاز منفی ندارد)

Cell Design					
۱.	Location / مکان	Fovea / مرکز	RHM / خط افقی راست	UVM / خط عمودی بالا	
۲.	Target / هدف	T1	T2		
۳.	Validity / اعتبار	Valid / معتبر	Neutral / خنثی		
۴.					
۵.					

انواع cell design:

مرکز	خط افقی راست	خط عمودی بالا
T1	T2	
معتبر	خنثی	

راهنمایی:

- **تعریف Cell Design:** تمام و تک تک شرایط (Conditions) آزمایش که برای پاسخ دادن به سوال مطالعه‌ی ما طراحی شده‌اند. شرایطی که نهایتاً هنگام آنالیز مطالعه با هم مقایسه می‌گردند.
- **Cell Design های مطالعه سوال ۳۴ به شرح زیر باشند:**
(از روی متن و تصاویر قابل تشخیص هستند)

Cell Design										
۱.	سیگنال بینایی (۹ درجه)	-50%	-40%	-25%	-10%	0%	20%	30%	40%	50%
۲.	تحریک الکتریکی (۴ حالت)	0 – 50ms	50-100ms	100-150ms	No Stimulation					

زیست پژوهان عزیز موفق باشید. ♥

پایان

