کوییز دوم درس مقدمه ای بر بیوانفورماتیک

١ سوال اول

یک دانشجوی درس مقدمه ای بر بیوانفورماتیک در حال تحلیل نتایج یک آزمایش است که در آن p-value آزمون فرضیه مستقل انجام داده است. مقادیر خام p-value برای این این آزمون ها به شرح زیر است:

$$p_1 = 0.01, p_2 = 0.04, p_3 = 0.2, p_4 = 0.005, p_5 = 0.03$$

Bonferroni او برای کنترل نرخ خطا با سطح $\alpha=0.05$ قصد دارد این مقادیر را با استفاده از روش تعدیل نرخ خطا با سطح آورید و سپس برای هر یک بگویید آیا میتوان فرض صفر را برایش رد کرد یا خیر.

این مقدار تعدیل شده چه مفهومی دارد؟

۲ سوال دوم

در سلول بدن یک انسان یک rna به طول ۱۰۰ نو کلئوتید با توالی s دیده شده، اما هیچ زیر رشته ای به طول ۱۰۰ در هیچ از توالی های dna برابر با s یا معکوس آن نیست. (T و U را متناظر در نظر بگیرید) به نظر شما علت این موضوع چیست؟ آیا این استدلال را می توانید برای همه ی موجودات زنده به کار ببرید؟

٣ سوال سوم

به سوالات زير پاسخ كوتاه دهيد.

- \square نقش RNA پلی مراز در فرایند رونویسی (Transcription) چیست
- یکی از مراحل اصلی در تحلیل داده های Microarray نرمال سازی داده هاست. چرا این مرحله ضروری است؟ و چگونه می توانید این داده ها را نرمال سازی کنید؟
 - است چرا ساختار دوم RNA در تنظیم بیان ژن مهم است \square