آزمایشگاه نوروانفورماتیک

انتخابی تیم اعزامی به المپیاد جهانی ۲۰۱۹ مجارستان

9

با بهترین آرزوها آخرین روز های زمستان ۹۷

این آزمایشگاه از ٥ بخش تشکیل شده است:

بخش ۱: تشخیص آلودگی به ویروس HIV (۲۰ نمره)

بخش ۲: کلونینگ (۳۰ نمره)

بخش ۳: متاژنومیکس میکروبیوم (۱۷,۵ نمره)

بخش ٤: Sequence assembly خان دوم (١٧,٥ نمره)

بخش ٥: بررسي آناتومي مغز (١٥ نمره)

برای انجام تحلیل های بیوانفورماتیک، تنها از نرم افزار Geneious استفاده خواهید کرد.

خش ۱: تشخیص آلودگی به ویروس HIV
۱ توالی از ژن پروتئین سطحی ویرس HIV (سویه های مختلف) داده شده است. سیستمی طراحی کنید که نمونه آلوده به تمام این توالی با را قادر باشد شناسایی کند.
وش خود را در کادر زیر توضیح دهید: درصورتیکه نیاز به ارجاع به یک فایل توالی دارید آن فایل راایجاد کنید و در فولدری ذخیره کنید.

```
بخش ۲: کلونینگ
```

در نظر داریم دمین اصلی پروتئین xylanase از Dictyoglomus thermophilum را در وکتور pET26B کلون کنیم تا در مخمر بیان این پروتئین را داشته باشیم. داده های مورد نیاز در نرم افزار در اختیار شماست: توالى كامل CDS (منطقه بالادست + ژن + منطقه فرودست): فايل اطلاعات Uniprot شامل توالى پروتئين و سيگنال پپتيد: فايل Uniprot اطلاعات وكتور pET26B: فايل pET26B آنزیم های برشگر که در اختیار دارید به شرح زیر است: Ncoll , BamHI و Mscl و Sacl توضيح دهيد. برای هردو سوال پرایمرهای طراحی شده، محصول PCR و Gel Virtual را (داخل نرم افزار) گزارش کنید. و کل داده ها را بنام خود Export کنید.

بخش ٣: متازنوميكس ميكروبيوم

امروزه اهمیت میکروبیوم به عنوان و نقش آن در عملکرد بدن به طور روز افزونی در حال شناسایی است. از اصلی ترین راه های مطالعه میکروبیوم متاژنومیکس است. در این رویکرد نمونه هایی از میکروبیوم گرفته شده و از نظر محتوای ژنتیکی بررسی میشوند. باتوجه به تنوع بالای میکرواورگانیسم ها و فراوانی نه چندان زیاد هرکدام از آنها، بسیار شایع است که در یک بررسی خوانش های کافی از سراسر یک قسمت DNA نداشته باشیم تا در هنگام assembly کل آن به یک کانتیگ (Contig) تبدیل شود.

ما٤ بار از یک میکروبیوم نمونه برداری کرده ایم و محتوی DNA آن را توالی یابی کرده ایم. توالی خوانش های انجام شده در فایل میکروبیوم، در فایل های Subset ۰ تا ۳ قرار دارند. به کمک این ٤ زیرمجموعه کانتیگ های موجود در میکروبیوم را

در کادر زیر مشخص کنید در میکروبیوم، چند کانتیگ وجود دارد و هرکدام از کانتیگ ها به ترتیب از کدام خوانش ها تشکیل شده است:

(تعداد کانتیگ ها و خوانش ها بیش از تعداد مورد نیاز تعبیه شده است. هر تعداد از خانه های جدول را که مورد نیاز شماست پر کنید و بقیه را خالی بگذاخوانش)

شماره	خوانش ۱	خوانش ۲	خوانش ۳	خوانش ٤	خوانش ٥	خوانش ٦	خوانش ٧	خوانش ۸	خوانش ۹
کانتیگ									
١									
۲									
٣									
٤									
٥									
٦									
٧									
٨									
٩									
1.									
11									
١٢									
١٣									

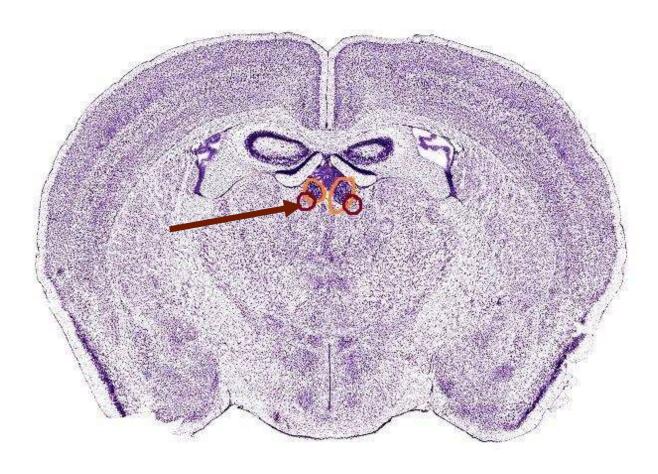
خان دوم	Sequence	assembly	٤:	خش
---------	-----------------	----------	----	----

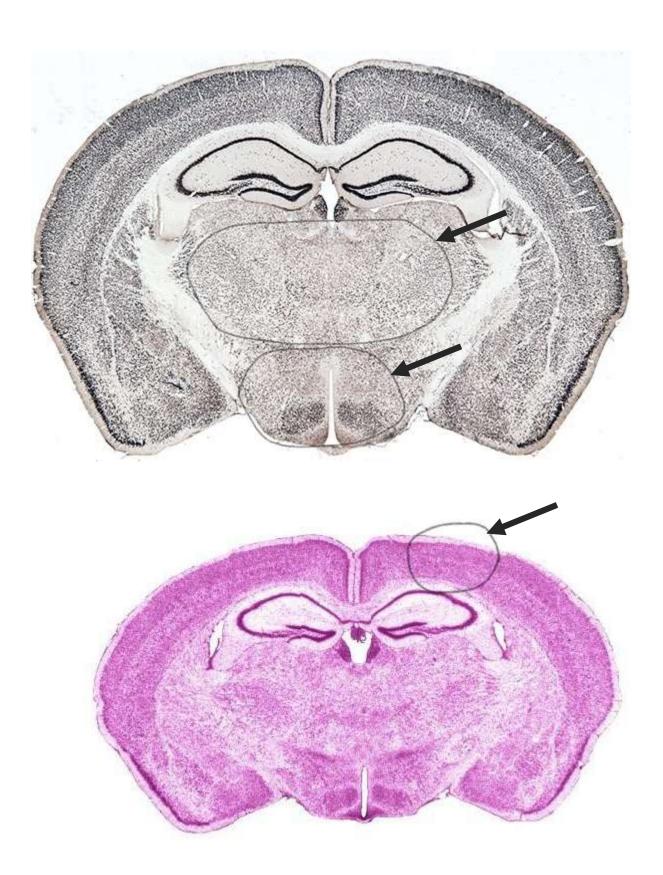
	ر کادر زیر مشخص کنید:

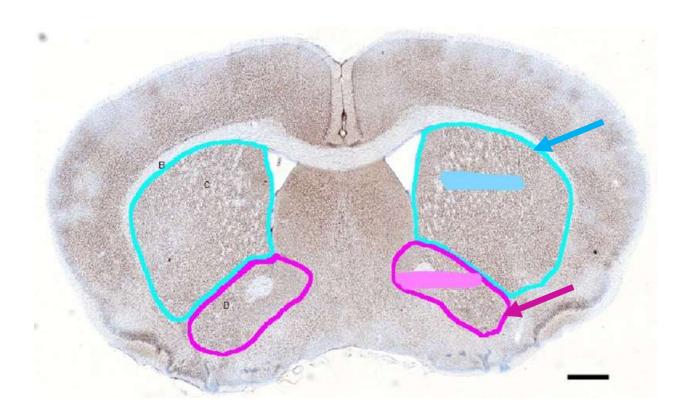
نمونه ای از سیتوپلاسم یک سلول مخمر در اختیار داریم و میخواهیم آن را از نظر محتوای ژنتیکی بررسی کنیم. میدانیم در سیتوپلاسم این

بخش ٥: بررسي آناتومي مغز

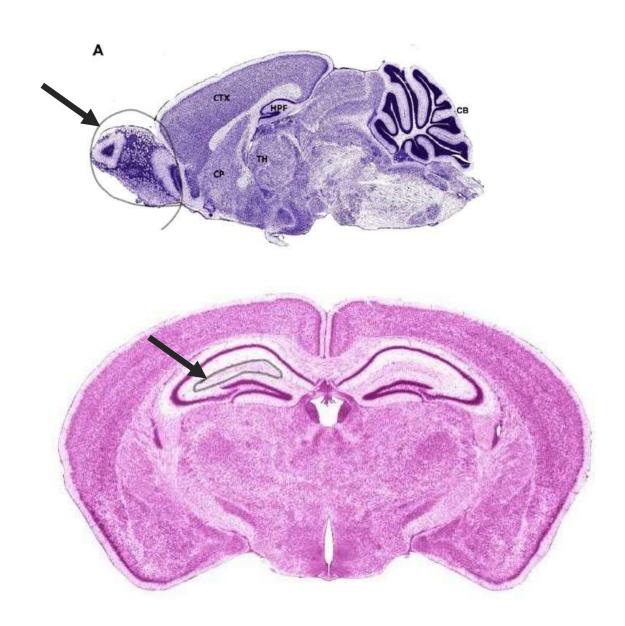
بخش ۱: با توجه به نرم افزار و عکس هایی که در اختیار داخوانش قسمت های مشخص شده در تصاویر را نام گذاری کنید. (شماره تصاویر متناظربا ترتیب آنهاست)







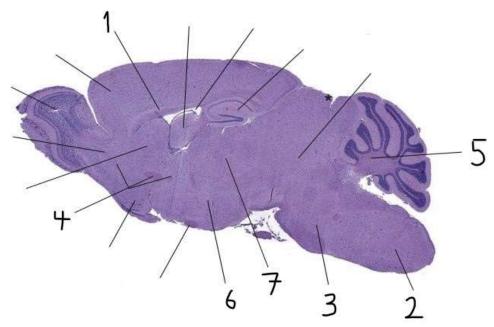


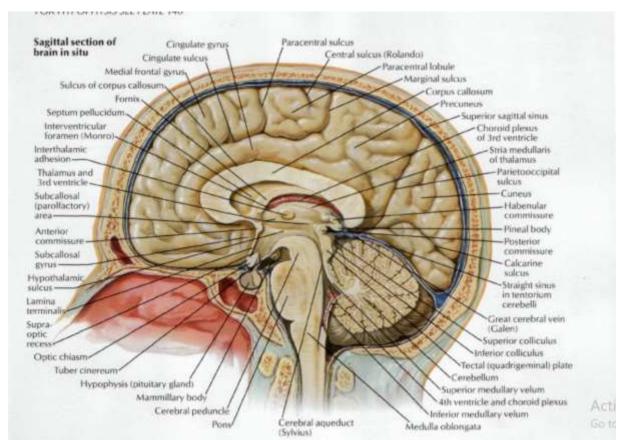


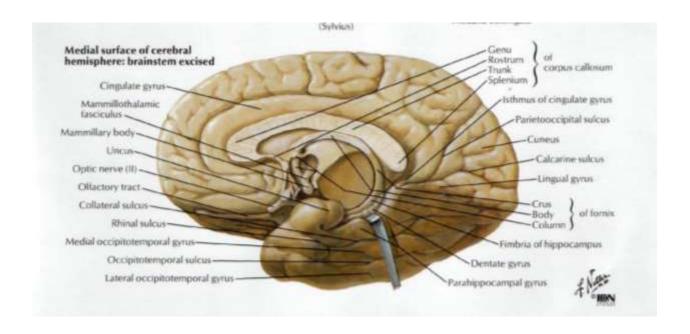
پاسخ های خودر را در جدول زیر وارد کنید:

1	Fig 1
2.1	Fig2
2.2	
3	Fig 3
4.1	Fig 4
4.2	
5	Fig 5
6	Fig 6
7	Fig 7

بخش ۲: با توجه به تصویری از مغز انسان که در اختیار داخوانش و اطلاعات خودتان © درباره مغز ساختار های مغز موش را مشخص کنید. (A)







Number	Mouse brain part
1	
2	
3	
4	
5	
6	
7	