

هر چیز که در جستن آنی آنی

گر در طلب کوهر کانی کانی در زنده بوی وصل جانی جانی



بانک سوالات

بیوانفورماتیک

(همراه با پاسخنامه تشریحی)

ویژه رشته‌های:

زیست پزشکی سامانه‌ای - زیست فناوری میکروبی - زیست فناوری پزشکی

تألیف و گردآوری:

بابک باباعباسی

سرشناسه	: باباعباسی، بابک، ۱۳۶۴ -
عنوان و نام پدیدآور	: AGK بانک سوالات بیوانفورماتیک (همراه با پاسخنامه تشریحی) ویژه رشته‌های زیست‌فناوری پزشکی - زیست‌فناوری میکروبی پروتئومیکس کاربردی - زیست‌پزشکی سامانه‌ای/ گردآوری و تألیف بابک باباعباسی.
مشخصات نشر	: تهران: آناهید گستر خلیلی، ۱۴۰۳.
مشخصات ظاهری	: ۲۲۸ ص.
شابک	: 978-622-8348-66-7
وضعیت فهرست‌نویسی	: فیپا
آوانویسی عنوان	: آجی‌کا بانک سوالات بیوانفورماتیک ...
موضوع	: زیست انفورماتیک -- آزمون‌ها و تمرین‌ها Bioinformatics -- Examinations, questions, etc : زیست‌شناسی کامپیوتری -- آزمون‌ها و تمرین‌ها Computational biology -- Examinations, questions, etc :
رده‌بندی کنگره	: QH۳۲۴/۲
رده‌بندی دیویی	: ۵۷۲/۸۰۲۸۵
شماره کتابشناسی ملی	: ۹۶۴۸۲۸۰



انتشارات آناهید گستر خلیلی

نام کتاب: AGK بانک سوالات بیوانفورماتیک (همراه با پاسخنامه تشریحی)

مؤلفین و گردآورندگان: بابک باباعباسی

ناشر: آناهید گستر خلیلی

نوبت و سال چاپ: اول . ۱۴۰۳

شمارگان: ۱۰۰۰

چاپ و صحافی: گیلان

مدیر تولید: اقبال شرقی

مدیر فنی و هنری: مریم آرده

تایپ و صفحه‌آرایی: بیتا اندوژفر

بهاء: ۲۵۰۰۰۰ تومان

آموزشگاه/ فروشگاه: ۰۲۱۶۶۵۶۸۶۲۱

مرکز پخش: ضلع جنوب غربی میدان انقلاب . جنب بانک پارسیان . مجتمع تجاری پارس . طبقه اول

مدیر فروش: ۰۹۹۰۲۱۰۵۲۹۲

مرکز فروش: ۰۲۱۶۶۵۶۹۲۱۶

 agkpublisher@gmail.com

 www.agkins.com

طلیحہ سخن مؤلف:

بیوانفورماتیک یعنی استفاده از فناوری انفورماتیک به منظور تجزیہ و تحلیل داده‌های زیستی. بیوانفورماتیک هم‌زمان با پروژہ‌های ژنوم رشد کرد و داده‌های این پروژہ‌ها را ذخیرہ و مورد بررسی قرار داد. بیوانفورماتیک در مباحث مختلفی هم‌چون ژنومیکس، ترنسکریپتومیکس، متابولومیکس و پروتئومیکس نقش اساسی‌ای بازی می‌کند.

می‌توان از دو دیدگاه متفاوت به بیوانفورماتیک نگاه کرد یکی از دیدگاه مهندسین کامپیوتر، آماردان‌ها و ریاضیدان‌ها که بیش‌تر درگیر طراحی الگوریتم و ابزارهای مناسب و بهینه برای آنالیز داده‌های زیستی می‌باشند و دیگری از دیدگاه زیست‌شناس‌ها که استفاده‌کننده از بانک‌ها و ابزارها می‌باشند. در کنکور دکتری وزارت بهداشت و وزارت علوم برای درس بیوانفورماتیک سوالاتی که طراحی می‌شود مربوط به استفاده از ابزارها و بانک‌ها برای زیست‌شناس‌ها می‌باشد. درس بیوانفورماتیک برای داوطلبان کنکور دکتری وزارت بهداشت در رشته‌های زیست‌فناوری پزشکی، پروتئومیکس کاربردی، زیست‌پزشکی سامانه‌ای و همچنین در کنکور دکتری وزارت علوم در رشته زیست‌فناوری میکروبی ارائه شده است.

در این کتاب مجموعه سوالات درس بیوانفورماتیک در چهار رشته فوق جمع‌آوری شده است و برای تمام سوالات پاسخ تشریحی مناسب ارائه داده است. امید می‌رود این کتاب که در آن سوالات به صورت موضوعی دسته‌بندی شده‌اند بتواند نیاز داوطلبان کنکور مقطع دکتری رشته‌های ذکر شده را برآورده سازد. لازم به ذکر است که تمام سوالات دکتری وزارت بهداشت و وزارت علوم تا ابتدای سال ۱۴۰۳ در این ویراست (پنجم) وجود دارد.

کتاب "بیوانفورماتیک سلولی و مولکولی" تألیف اینجانب که توسط "انتشارات آنالید گستر خلیلی" به چاپ رسیده است پوشش کاملی بر سوالات این کتاب داشته و می‌تواند به‌عنوان یک منبع مناسب برای مطالعه بیوانفورماتیک پیش یا حین پاسخگویی به تست‌ها به شما کمک کند.

با احترام

بابک باباعباسی

Email: babakbabaabasi@gmail.com

فصل اول: بانک‌های اطلاعاتی اولیه	
سوالات.....	۷
پاسخنامه تشریحی.....	۱۷
فصل دوم: هم‌ردیفی	
سوالات.....	۲۸
پاسخنامه تشریحی.....	۴۸
فصل سوم: پروتئومیکس	
سوالات.....	۸۲
پاسخنامه تشریحی.....	۸۷
فصل چهارم: کلاسیفیکیشن دمین‌های پروتئینی (بانک‌های اطلاعاتی ثانویه)	
سوالات.....	۱۰۱
پاسخنامه تشریحی.....	۱۰۶
فصل پنجم: ترنسکریپتومیکس	
سوالات.....	۱۱۳
پاسخنامه تشریحی.....	۱۱۷
فصل ششم: متابولومیکس	
سوالات.....	۱۲۴
پاسخنامه تشریحی.....	۱۲۶
فصل هفتم: ژنومیکس ساختاری، ژنومیکس عملکردی، ژنومیکس مقایسه‌ای و متاژنومیکس	
سوالات.....	۱۲۸
پاسخنامه تشریحی.....	۱۳۶
فصل هشتم: پیشگویی ساختار RNA و پروتئین و بانک‌های ساختار دوم و سوم	
سوالات.....	۱۵۵
پاسخنامه تشریحی.....	۱۶۷
فصل نهم: سیستم بیولوژی	
سوالات.....	۱۸۹
پاسخنامه تشریحی.....	۱۹۱
فصل دهم: تجزیه و تحلیل‌های فیلوژنی	
سوالات.....	۱۹۶
پاسخنامه تشریحی.....	۲۰۵
فصل یازدهم: سایر مباحث مرتبط و غیرمرتبط	
سوالات.....	۲۱۶
پاسخنامه تشریحی.....	۲۲۱

بانک‌های اطلاعات اولیه

۱

۱. اگر در مطالعه‌ای هدف بررسی عملکرد یک ژن خاص باشد، کدامیک از شماره دسترسی‌های ذیل جهت طراحی پرایمر از بانک اطلاعاتی Refseq انتخاب ارجح می‌باشد؟
(دکتری بیوتکنولوژی پزشکی سال ۱۳۹۳)

NT-123456 (۱) NM-123456 (۲)

NC-123456 (۳) NP-123456 (۴)

۲. در صورتی که هدف کلون کردن یک ژن یوکاریوت به منظور تولید یک پروتئین نوترکیب باشد کدامیک از شماره‌های دسترسی ذیل در انتخاب توالی مناسب از پایگاه توالی Refseq باید در نظر گرفته شود؟ (دکتری بیوتکنولوژی پزشکی سال ۱۳۹۲)

NM-123456 (۱) NP-123456 (۲)

NT-123456 (۳) NR-123456 (۴)

۳. در مطالعه‌ای هدف شناسایی اولیه و سریع یک ژن جدید براساس بیان آن در یک بافت خاص می‌باشد. بررسی کدامیک بیش‌تر در این مورد کمک می‌کند؟
(دکتری بیوتکنولوژی پزشکی سال ۱۳۹۲)

mRNA پایگاه‌های اطلاعاتی (۱) cDNA library (۲)

EST پایگاه‌های اطلاعاتی (۳) (۴) پایگاه‌های اطلاعاتی پروتئومیک

۴. کدام پایگاه داده با بقیه تناسب ندارد؟
(کنکور وزارت علوم ۹۳، رشته بیوتکنولوژی میکروبی)

PDB (۱) TrEMBL (۲) Swiss Prot (۳) Genpept (۴)

۵. کدامیک به‌عنوان بانک داده‌های مربوط به DNA در ژاپن است؟
(آزمون دکتری پروتئومیکس سال تمصیلی ۹۲-۹۱)

PIR (۱) DDBJ (۲) UPR (۳) ISD (۴)

۶. کدامیک مجموعه‌ای از ارتباطات مهم بین نقشه‌های ژنتیکی، توالی‌ها، اطلاعات بیان ژن‌ها، ساختارها، عملکردها، موقعیت ژن‌ها و داده‌های هومولوژی را در اختیار قرار می‌دهد؟
(آزمون دکتری پروتئومیکس سال تمصیلی ۹۲-۹۱)

Entrez Gene (۱) GenBank (۲)

WGS (۳) EMBL (۴)

۷. کدام پایگاه داده‌ها پروتئین از تلفیق چهار منبع شامل 3D SWISS-PROT, PIRI-4, Genbank, NRL تشکیل شده است؟
(آزمون دکتری پروتئومیکس سال تمصیلی ۹۲-۹۱)

MIPSX (۱) OWL (۲) NRDB (۳) PDB (۴)

بانک‌های اطلاعاتی اولیه

۱

۱. گزینه (۲)

درباره هر رکورد در بانک ژن اطلاعات زیر وجود دارد:

در هنگام جستجو در بانک ژن و یا هنگام مشاهده رکورد در کنار عبارتی به نام Accession یک شماره را می‌بینید که با حروفی مثل NM, NR و ... شروع شده است. این عبارت کد یکتای رکورد است که به آن Accession Number گفته می‌شود. برای درک Accession Number های مربوط به Refseq ها به جدول زیر که کدهای مربوط به GenBank را شرح داده است توجه کنید.

Refseq Accession Formal:

Refseq accession numbers do not follow the standards set by INSDC. It has a distinct format of 2 letters+ underbar+ 6 digits (i.e. NM- 012345). Refseq records can either be curated (manually reviewed by NCBI staff or collaborators) or automated (records not individually reviewed).

Prefixes	Molecule	Method
NC, NG	Genomic	Curated
NM	MRNA	Curated
NR	RNA	Curated
NP	Protein	Curated
NT, NW	Gnomic	Automated
XM	MRNA	Automated
XR	RNA	Automated
XP	Protein	Automated

۲. گزینه (۱)

پاسخ سوال ۱ را مطالعه کنید.

۳. گزینه (۳)

ردیف تظاهر یافته برچسب‌دار (EST)

از mRNA های ایجاد شده در بافت‌های مختلف و در شرایط گوناگون می‌توان cDNA هایی را ایجاد و سپس برخی از این cDNA ها را توالی‌یابی کرد که البته بیش‌تر توالی‌یابی انتهایی ۳' یا ۵' کلون‌های cDNA صورت می‌گیرد که EST نامیده می‌شود. به عبارت دیگر EST توالی‌یابی DNA انتهایی ۳' یا ۵' کلون‌های cDNA ای هستند، که اغلب به طور تصادفی و یا براساس غربال کردن کلون‌های خاص از یک کتابخانه cDNA انتخاب می‌گردند. بنابراین هر cDNA دو EST می‌تواند داشته باشد، یکی مطابق با انتهای ۳' و دیگری مطابق با انتهای ۵' آن cDNA، اما در اکثر موارد ناحیه‌ی بین دو EST ناشناخته است.

پاسخنامه تشریحی فصل اول

در حقیقت توالی‌یابی EST حداقل بخشی از توالی‌یابی بیش‌تر mRNAهای موجود در بافت‌های مختلف که برای تهیه کتابخانه cDNA استفاده شده‌اند را دارند، بنابراین از ESTها به وفور به‌عنوان منبع اطلاعات برای کشف ژن‌های جدیدی که عمل آن‌ها به طور تجربی از توالی آن‌ها نتیجه گرفته می‌شود، استفاده می‌شود. بی‌شک ژن‌هایی که در بافت خاص یا مرحله خاصی از رشد تظاهر می‌یابند و در نتیجه در تهیه cDNA استفاده نشده باشند در داده‌های EST وجود نخواهند داشت. با وجود محدودیت‌هایی که روش EST دارد، هنوز به طور وسیعی استفاده می‌شود. زیرا ایجاد کتابخانه‌های EST بسیار ساده است. از آن‌ها می‌توان برای شناسایی ژن‌ها در کتابخانه‌های cDNA بهره جست. گرچه هر EST مستعد خطا است ولی کل کتابخانه EST می‌تواند اطلاعات مفیدی ارائه بدهد. با جست‌وجو در مجموعه‌های EST غیرتکراری می‌توان ژن‌های ممکنه مورد نظر را جداسازی کرد. افزایش قابل ملاحظه و سریع توالی‌های EST موجب به وجود آمدن پایگاه‌های اطلاعاتی تخصصی و عمومی شده است.

ESTها می‌توانند با توالی‌های موجود در پایگاه‌های اطلاعاتی^۱ اسید نوکلئیک و یا پایگاه‌های اطلاعاتی توالی پروتئینی (PIR) مطابقت داشته باشند و به کمک این پایگاه‌های اطلاعاتی و برنامه‌های کامپیوتری می‌توان آن‌ها را به ژن‌های خاصی نسبت داد. مهم‌تر از این، اگر شما یک پایگاه اطلاعاتی را با توالی مورد نظر جست‌وجو کنید و یک EST را شناسایی کنید به این مفهوم است که یک کلون cDNA از ژن‌های هدف شما در دسترس است.

هم‌اکنون پایگاه‌های اطلاعاتی EST دولتی و خصوصی زیادی برای تعداد زیادی از موجودات به ویژه انسان و برخی از گیاهان مانند گندم، ذرت و سویا در حال فعالیت هستند. امروزه پایگاه‌های اطلاعاتی EST به‌عنوان منابع غنی برای شناسایی ژن‌ها و مقایسه توالی‌ها بین گونه‌ها استفاده می‌شود. هم‌چنین از ESTها می‌توان به‌عنوان نشان‌گرهایی در نقشه‌های ژنتیکی و فیزیکی و در بررسی تظاهر ژن استفاده کرد. هم‌چنین از داده‌های مربوط به توالی ESTها می‌توان برای هم‌سانه‌سازی سریع ژن هدف به وسیله‌ی RT-PCR، PCR کتابخانه cDNA یا PCR ژنومی استفاده کرد. این مورد از راه طراحی یک آغازگر الیگونوکلئوتیدی مکمل قسمتی از توالی EST امکان‌پذیر می‌باشد. ژنومیکس عملکردی که بیان‌گر مطالعه عمل توالی‌های خاص ژنی و بررسی تظاهر آن‌ها در موجود زنده می‌باشد نیز با استفاده از ریزآرایه‌های cDNA مربوط به ESTهای در دسترس تسهیل می‌شود.

۴. گزینه (۱)

PDB (بانک داده‌های پروتئینی) که توسط دانشگاه نیوجرسی، در دانشگاه کالیفرنیا و موسسه‌ی ملی استاندارد و فناوری نگهداری می‌شود. این بانک بزرگ‌ترین بانک داده‌های ساختارهای سه‌بعدی ماکرومولکول‌های زیستی است. بیش‌تر توالی‌های پروتئینی با ترجمه‌ی ORFهای شناخته شده در DNA به‌دست می‌آیند اما برخی هنوز حاصل از توالی‌یابی پروتئین اصلی است یا از ساختارهای سه‌بعدی گرفته شده است. روش‌های مورد استفاده برای به‌دست آوردن توالی پروتئینی در مستندهای ضمیمه‌ی توالی ذکر می‌شود. سه بانک دیگر که در گزینه‌ها هستند حاوی ساختارهای سه‌بعدی پروتئین‌ها نیستند.

۵. گزینه (۲)

در ۱۹۸۲ پایگاه داده‌ی با نام GenBank در آزمایشگاه ملی لوس‌آلاموس و پایگاه داده EMBL در آزمایشگاه زیست‌مولکولی اروپا به‌طور رسمی کار خود را شروع کردند. بانک داده‌ی DNA ژاپن DDBJ در سال ۱۹۸۴ به آن‌ها پیوست. در سال ۱۹۹۲ GenBank نقش خود را به NCBI واگذار کرد و فعالیت EMBL در ۱۹۹۴ به موسسه EBI منتقل شد.

International Nucleotide Sequence Database Collaboration ⇒ GenBank - DDBJ - EMBL

۶. گزینه (۱)

پایگاه Gene که به EntrezGene معروف می‌باشد اطلاعات فراوان از طیف گسترده‌ای از گونه‌ها است که سابقه نام‌گذاری، نقشه‌ها، مسیرها، تغییرات، و لینک‌هایی به ژنوم، فنوتیپ، و لوکوس به بانک‌های دیگر را دارا می‌باشد. هم‌چنین این بانک حاوی داده‌های RefSeqs می‌باشد.

<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/gene>

۱. انتخابی برای مقایسه کامل دو ژنوم متعلق به گونه‌های متفاوت:
 (دکتری تخصصی زیست فناوری پزشکی ۹۵-۹۴)
 BLAST x (۲) BLAST z (۱)
 t BLAST x (۴) t BLAST n (۳)
۲. برای مقایسه همردیفی دو توالی که از لحاظ تکاملی واگرا محسوب می‌شوند، انتخاب کدام ماتریکس مناسب‌تر است؟
 (دکتری تخصصی زیست فناوری پزشکی ۹۵-۹۴)
 PAM60 (۴) PAM120 (۳) PAM90 (۲) PAM250 (۱)
۳. کدام یک در ماتریس امتیازدهی همردیفی پروتئین‌ها مدنظر قرار نمی‌گیرد؟
 (دکتری تخصصی زیست فناوری پزشکی ۹۵-۹۴)
 (۱) حفاظت (۲) فراوانی (۳) ساختمان (۴) تکامل
۴. در BLAST به منظور یافتن هومولوگ‌ها:
 (دکتری بیوتکنولوژی پزشکی سال ۱۳۹۳)
 (۱) توالی‌های پروتئینی نسبت به توالی‌های DNA مزیت دارند.
 (۲) توالی‌های DNA نسبت به توالی‌های پروتئینی مزیت دارند.
 (۳) هر دو توالی ارزش یکسان دارند.
 (۴) بررسی توالی‌ها ارزشی ندارد.
۵. تشابه چهل درصدی در دو توالی پروتئینی یعنی:
 (دکتری بیوتکنولوژی پزشکی سال ۱۳۹۳)
 (۱) چهل درصد همانندی (Identity)
 (۲) احتمال داشتن منشا تکاملی مشترک
 (۳) چهل درصد هومولوژی (Homology)
 (۴) چهل درصد ساختمان پروتئینی مشابه
۶. کدام یک از موارد ذیل به‌عنوان یک ابزار مقایسه چندتایی توالی‌ها (Multiple Sequence Alignment) محسوب می‌شود؟
 (دکتری بیوتکنولوژی پزشکی سال ۱۳۹۳)
 PDB (۴) Dismol (۳) Chime (۲) Clustal w (۱)
۷. حداقل احتمال جور شدن دو توالی غیرمرتبط نوکلئوتیدی یا آمینواسیدی در یک محل معین بدون ایجاد gap به ترتیب عبارت است از:
 (دکتری بیوتکنولوژی پزشکی سال ۱۳۹۳)
 (۱) ۴۰٪ و ۱۰٪ (۲) ۵٪ و ۲۵٪
 (۳) ۱۰٪ و ۴۰٪ (۴) ۲۵٪ و ۵٪

۱. گزینه (۱)

انواع مختلفی از BLAST وجود دارد اما برای مقایسه کامل دو ژنوم از BLASTZ استفاده می‌شود. در زیر شرح مختصری در مورد ابزار BLAST آمده است و در سوالات بعدی با انواع دیگر BLAST آشنا می‌شوید. جستجوی بانک‌های اطلاعات توالی‌ها با یک توالی بر مبنای الگوریتم‌های نوشته شده برای هم‌ردیفی دوگانه صورت می‌گیرد. جدول زیر مجموعه‌ای از روش‌های هم‌ردیفی‌های دوگانه را نشان می‌دهد.

Year	Authors	Algorithm	Approach
1970	Needleman & Wunsch	Global	Optimal
1981	Smith & Waterman	Local	Optimal
1988	Pearson & Lipman	FASTA	Heuristic
1990	Altschul et al.	BLAST	Heuristic
1997	Altschul et al.	Gapped BLAST	Heuristic

اکنون، در بیش‌تر پایگاه‌ها از روش BLAST یا Basic Local Alignment Search Tools استفاده می‌شود که در آن سرعت و دقت با هم در نظر گرفته می‌شود BLAST. نام یک نرم‌افزار کاربردی در علوم سلولی و مولکولی و ژنتیک است که مخفف واژگان Basic Local Alignment Search Tool یا ابزار پایه‌ای برای جستجوی هم‌ردیفی‌های موضعی است. این ابزار قسمتی از مجموعه اطلاعات کیفی مرکز ملی اطلاعات زیست‌فناوری است.

با این نرم‌افزار می‌توان توالی اسیدهای آمینه در پروتئین‌ها یا توالی نوکلئوتیدها را در DNA را با هم مقایسه کرد. این نرم‌افزار به پژوهشگر اجازه می‌دهد تا یک توالی را با توالی دیگر یا توالی که در بانک اطلاعاتی وجود دارد، مقایسه کند. شناسایی توالی‌های موجود در بانک اطلاعاتی که بیش‌ترین شباهت را با توالی مورد نظر دارد از دیگر قابلیت‌های این نرم‌افزار است. بر حسب نوع توالی انواع مختلفی از بلاست امکان‌پذیر است. مثلاً اگر یک ژن ناشناخته در موش که قبلاً اطلاعاتی از آن در اختیار نبوده، باید بررسی شود، یک پژوهشگر ترجیح می‌دهد این توالی را با ژنوم انسان بلاست کند. BLAST در NIH (موسسه ملی بهداشت آمریکا) طراحی شد. بلاست یکی از پرکاربردترین نرم‌افزارها در بیوانفورماتیک است که با سرعت مطلوب مقایسه مورد نظر را انجام می‌دهد. پیش از طراحی این نرم‌افزار مقایسه توالی‌ها بسیار وقت‌گیر بود.

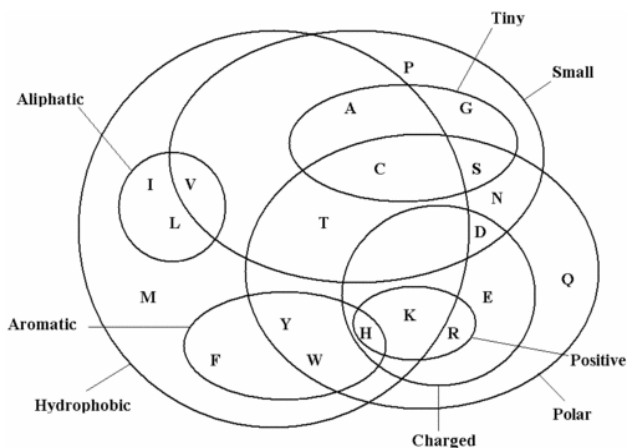
به دلیل این که بلاست مربوط به یکی از بنیادی ترین مسائل بیوانفورماتیک است و سرعت خوبی دارد، یکی از پرکاربردترین نرم افزارهای بیوانفورماتیک به حساب می آید. سرعت، مخصوصاً در کاربردهای واقعی روی پایگاه های داده ی بزرگ ژنوم امری حیاتی است. پیش از ارائه الگوریتم های سریعی مثل BLAST و FASTA جستجو در پایگاه های داده ی بزرگ برای دنباله های پروتئین یا نوکلئیک با استفاده از الگوریتم های انطباق کامل مثل Smith- Waterman بسیار زمان گیر بود. BLAST از نظر زمانی کارآمدتر از FASTA است. زیرا الگوهای مهم تر در دنباله را مورد جستجو قرار می دهد. لازم به ذکر است معیارهای BLAST سخت گیرانه تر از FASTA است.

۲. گزینه (۱)

ماتریس های PAM با افزایش واگرایی توالی ها، با برون یابی PAM1 از طریق ضرب ماتریس ها به دست می آید. برای مثال PAM80 با هشتاد بار ضرب ماتریس PAM1 به دست می آید. یک واحد PAM به عنوان یک درصد تغییرات اسید آمینه یا یک جهش در یک صد باقی مانده تعریف می شود. افزایش عدد PAM با افزایش واحد PAM و بنابراین فاصله تکاملی توالی های پروتئینی ارتباط دارد.

برای مثال PAM250، که متناظر با ۲۰ درصد یکسانی اسیدهای آمینه است، نشان دهنده ۲۵۰ جهش در ۱۰۰ اسید آمینه است. بنابراین ماتریس PAM250 به طور معمول برای توالی های بسیار واگر استفاده می شود. به این ترتیب، ماتریس های PAM با شماره کوچک تر برای انطباق دادن توالی های نزدیک به هم مناسب ترند. برعکس سیستم عدد گذاری PAM، هر چه عدد BLOSUM کم تر باشد، توالی های واگرایی حضور دارند.

مشکل مقایسه هم ردیفی ها و امتیاز دهی در توالی های پروتئینی به طور جدی تری نسبت به توالی های نوکلئوتیدی مطرح است. در این توالی ها همه جایگزینی ها اشکال ساختاری و عملکردی زیادی ایجاد نمی کنند. به عبارت دیگر، برخی اسید آمینه ها خواص فیزیکوشیمیایی مشابهی دارند (شکل زیر) و می توانند با حداقل تغییر خواص جایگزین یکدیگر شوند.



نکته ی دیگر این است که در تکامل توالی ها هم پدیده ی اضافه شدن را داریم و هم پدیده حذف اتفاق می افتد. بنابراین این انتظار می رود در بسیاری از موارد دو توالی را با هم مقایسه کنیم که دارای طول یکسانی نباشند. جمع بندی این مقدمات نشان می دهد می توان با کمی نمودن (امتیازدهی) نتایج هم ردیفی آن ها را باهم مقایسه نمود. البته برای کمی نمودن هم ردیفی ها حداقل دو نوع امتیازدهی را بایستی منظور کرد.

(الف) امتیازدهی جایگزینی ها

(ب) امتیازدهی حذف و اضافه شدن توالی ها

به این ترتیب، امتیاز هر هم ردیفی جمع جبری کلیه امتیازات جایگزینی ها و حذف یا اضافه ها خواهد بود.

۱. کدامیک از ابزارهای ذیل در تشخیص تغییرات پس از ترجمه در آنالیزهای پروتئولیتیک کاربردی ندارد؟

(دکتری تخصصی زیست فناوری پزشکی ۹۵-۹۴)

Glyco Mod (۲)

Find Mod (۱)

Signal P (۴)

SesID (۳)

(دکتری تخصصی زیست فناوری پزشکی ۹۵-۹۴)

CATH (۴)

SCOP (۳)

PDB (۲)

STRING (۱)

(دکتری تخصصی زیست فناوری پزشکی ۹۵-۹۴)

۲. پایگاه اطلاعاتی مناسب برای بررسی واکنش‌های پروتئین-پروتئین:

۳. کاربرد بیوانفورماتیکی مفهوم Rosetta Stone Sequence در چیست؟

(۱) تشخیص تغییرات بعد از ترجمه در آنالیز پروتئولیتیک

(۲) پیش‌بینی پل‌های دی‌سولفیدی

(۳) پیش‌بینی میان‌کنش‌های پروتئین-پروتئین

(۴) تفسیر Protein Microarray

۴. کدامیک از روش‌های محاسباتی (Computational) در مهندسی آنزیم‌ها از اهمیت و پیشرفت سریع‌تری برخوردار بوده است؟

(دکتری تخصصی زیست فناوری پزشکی ۹۵-۹۴)

Molecular modeling (۲)

(۱) روش‌های بیوانفورماتیکی

Structural analysis (۴)

(۳) de novo design

۵. مقایسه تنوع در الگوی پروتئینی سلولی تحت تاثیر یک هورمون خاص از اهداف کدامیک از انواع پروتئومیکس می‌باشد؟

(دکتری بیوتکنولوژی پزشکی سال ۱۳۹۳)

Functional Proteomics (۲)

(۱) Structural Proteomics

(۴) ۱ و ۳

(۳) Profiling Proteomics

۶. در مطالعات پیش‌گویی واکنش بین دو پروتئین، منظور از اینترلوگ پروتئین‌هایی هستند که:

(دکتری بیوتکنولوژی پزشکی سال ۱۳۹۲)

(۲) ژن‌های آن‌ها ترکیب شده‌اند.

(۱) ژن‌های آن‌ها همسایه باشند.

(۴) همولوگ در دو پروتئوم باشند.

(۳) شباهت ساختمانی داشته‌اند.

۱. گزینه (۴)

از جمله پایگاه‌های بررسی تغییرات پس از ترجمه می‌توان به FindMod، GlycoMod و FindPept اشاره کرد که به منظور به دست آوردن اطلاعات بیش‌تر در مورد ویژگی‌های پروتئین‌های یافت شده از جمله تغییرات پس از ترجمه، پیدا کردن جایگاه‌های برش اختصاصی و جرم پپتیدی به پژوهشگران کمک می‌کنند. همچنین ابزاری به نام Signal P وجود دارد که به پیش‌بینی حضور و محل سایت‌های پپتید سیگنال‌ها در توالی اسید آمینه‌ها در موجودات مختلف می‌پردازد. پایگاه و یا ابزاری به نام SesID برای این منظور تا به حال با جستجوهای که انجام داده‌ام پیدا نکرده‌ام و به نظر می‌رسد گزینه ۳ باید پاسخ این سوال باشد البته می‌توان گزینه ۴ را هم درست دانست اما گزینه ۳ انتخاب بهتری است.

۲. گزینه (۱)

پایگاه STRING شامل داده‌های واقعی و داده‌های پیشگویی شده در زمینه برهمکنش بین پروتئین‌ها می‌باشد.

۳. گزینه (۳)

The Rosetta stone method.

Analysis of amino acid sequences from different organisms often reveals cases in which two or more proteins encoded for separately in a genome also appear as fusions, either in the same genome or that of some other organism. Such fusion proteins, termed **Rosetta stone sequences**, help link disparate proteins together, and suggest the likelihood of functional interactions between the linked entities, describing local and global relationships within the proteome. These relationships help us understand the role of proteins within the context of their associations, and facilitate assignment of putative functions to uncharacterized proteins based on their linkages with proteins of known function.

۴. گزینه (۳)

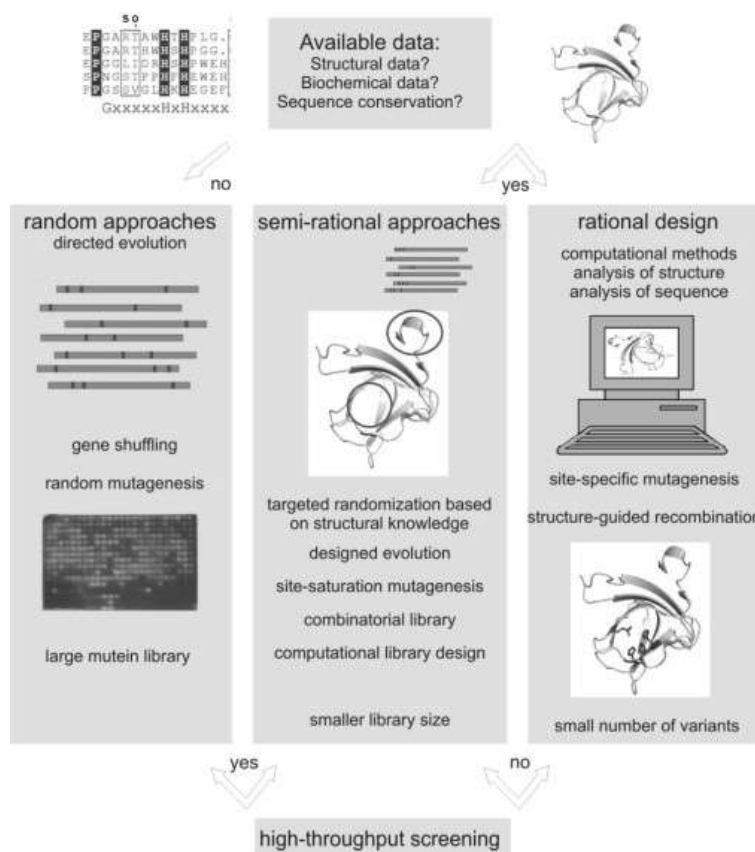
طراحی و ساخت پروتئین‌ها یا آنزیم‌هایی با عملکرد جدید به واسطه تغییر توالی آمینواسیدی را مهندسی پروتئین می‌گوییم. اندازه و آرایش فضایی مولکول‌های پروتئینی را نیز می‌توان با روش‌های مهندسی پروتئین تغییر داد. چنین تغییراتی عمدتاً برای بررسی ارتباط ساختار و عملکرد به کار می‌رود. کریستالوگرافی با استفاده از اشعه X، سنتز شیمیایی DNA، مدل‌سازی کامپیوتری پروتئین و همچنین ترکیب اطلاعات ساختار کریستالی و شیمیایی پروتئین با سنتز ژن‌های مصنوعی که به عنوان یک رویکرد قوی برای به دست آوردن پروتئین‌هایی با خواص مطلوب در نظر گرفته شده است. یکی از کاربردهای مهندسی پروتئین، ایجاد پروتئین‌های درمانی با ویژگی‌های بهبود یافته مثل انحلال‌پذیری بالاتر و یا پایداری بیش‌تر می‌باشد.

انجام مهندسی پروتئین به منظور افزایش پایداری، از نظر پروسه آزمایشگاهی کار چندان پیچیده‌ای نیست و امروزه با ورود کیت و روش‌های جدید، انجام آن آسان و سریع‌تر شده است. بخش نسبتاً پیچیده این کار مربوط به طراحی و عملیات فکری قبل از شروع مراحل آزمایشگاهی است. بیوانفورماتیک و روش‌های محاسباتی (Computational methods) ابزارهایی بسیار قدرتمند در پروسه مهندسی منطقی پروتئین (Rational protein engineering) هستند. درست است که این روش‌ها الزاماً بهترین راه حل را ارائه نمی‌کنند اما در اغلب موارد با بهره‌گیری از آن‌ها می‌توان شانس موفقیت خود را افزایش داده و از صرف وقت و هزینه مربوط به ساخت و غربالگری موتانت‌هایی که با روش‌های تصادفی ایجاد شده‌اند جلوگیری کرد.

به‌طور کلی، طراحی یک ساختار پروتئین متفاوت از طراحی یک آنزیم می‌باشد زیرا در طراحی آنزیم باید بسیاری از مکان‌های درگیر در مکانیسم کاتالیزوری در نظر گرفته شود. روش کلی برای مهندسی آنزیم‌ها وجود دارد که یکی روش‌های منطقی (rational approaches) می‌باشد و راه حل دیگر استفاده از directed evolution می‌باشد و از ترکیب این دو تحت عنوان semi-rational design و یا focused directed (designed) evolution نام برده می‌شود. در طراحی آنزیم‌ها می‌توان با مقایسه توالی و ساختار سایر آنزیم‌های مختلف و مقایسه آن‌ها با آنزیمی که قصد طراحی آن را داریم به نتیجه مطلوبی برسیم. اما چالش بزرگ زمانی است که هدف ما یک طراحی de novo می‌باشد و هیچ الگو و توالی مشابه‌ای هم در دسترس نداریم و حال باید فقط از روش‌های محاسباتی استفاده کنیم که در دو دهه گذشته پیشرفت‌های زیادی داشته‌اند که در زیر به سه مطالعه بزرگ در زمینه مهندسی آنزیم‌ها اشاره می‌شود.

In three major studies, David Baker and co-workers de novo designed enzymes for the retro-Aldol reaction, a Kemp-elimination reaction, and for the Diels-Alder reaction. Furthermore, Stephen Mayo and co-workers developed an iterative method to design the most efficient known enzyme for the Kemp-elimination reaction. In addition, in the laboratory of Bruce Donald, computational protein design was used to switch the specificity of one of the protein domains of the nonribosomal peptide synthetase that produces Gramicidin S, from its natural substrate phenylalanine to other noncognate substrates including charged amino acids; the redesigned enzymes had activities close to those of the wild-type.

پروتئومیکس



۵. گزینه (۳)

شاخه‌های مختلف پروتئومیکس

- ۱- پروتئومیکس الگوی تظاهر (شناسایی کل پروتئین‌های یک سلول یا بافت تحت شرایط زیستی خاص).
- ۲- پروتئومیکس ساختاری (در این بخش هدف تعیین ساختار کمپلکس‌های پروتئینی است).
- ۳- پروتئومیکس عملکردی (در این بخش هدف شناخت وظیفه و عمل پروتئین‌ها در سطح سلولی است)

۶. گزینه (۴)

ارتولوگ، همولوگ‌هایی هستند که به وسیله‌ی فرایندی گونه‌زایی به وجود آمده‌اند. در واقع آن‌ها دارای ژن‌هایی حاصل از یک جد مشترک هستند، که عملکرد مشابهی دارند.

پارالوگ، همولوگ‌هایی هستند که به وسیله مضاعف شدن ژن به وجود آمده‌اند. آن‌ها از یک ژن اجدادی مشترک که در یک موجود مضاعف و سپس منشعب شده به وجود آمده‌اند ممکن است از نظر عملکردی متفاوت از هم‌دیگر عمل کنند.

گزولوگ‌ها: همولوگ‌های حاصل از انتقال افقی ژن بین دو موجود می‌باشند.

اینترلوگ: در مطالعه پیش‌گویی ناکنش بین دو پروتئین منظور از اینترلوگ یعنی همولوگ در دو پروتئوم باشد.

۷. گزینه (۱)

OMSSA (Open Mass Spectrometry search Algorithm) که الگوریتم جستجوی اسپکترومی جرمی نامیده می‌شود، یک برنامه جستجو رایگان برای آنالیز و شناسایی پپتیدها می‌باشد.

کلاسیفیکیشن دمین‌های پروتئینی (بانک‌های اطلاعاتی ثانویه)

۱. به منظور تعیین ارتباط عملکرد بین پروتئین‌ها مناسب‌ترین روش:
 - (۱) تشخیص دمین‌ها (Domains) براساس الگوریتم‌های دوتایی توالی‌ها
 - (۲) جستجو در بانک‌های اطلاعاتی BLAST یا FASTA
 - (۳) تشخیص موتیف‌ها (motifs) و دومین‌ها (Domains) براساس الگوریتم‌های چندتایی توالی‌ها
 - (۴) مقایسه پروتئین‌ها براساس تشابهات کلی توالی‌ها با استفاده از الگوریتم‌های فیلوژنتیکی Clustering
۲. در پیش‌بینی و فهم عملکرد یک پروتئین کدام یک از نواحی زیر حائز اهمیت بیش‌تری می‌باشد؟

(دکتری بیوتکنولوژی پزشکی سال ۱۳۹۲)

 - (۱) نواحی با حضور اسیدآمینه‌های محافظت شده
 - (۲) نواحی با حضور اسیدآمینه‌های بسیار متغیر
 - (۳) نواحی با تجمع حضور اسیدآمینه‌های باردار یا آروماتیک
 - (۴) موارد ۱ و ۲
۳. در مطالعات توالی‌های پروتئینی در پایگاه اطلاعات PROSITE:
 - (۱) الگو همان پروفایل است
 - (۲) الگو بخشی از پروفایل است
 - (۳) پروفایل جزئی از الگو است
 - (۴) الگو و پروفایل ارتباطی با یکدیگر ندارند
۴. در یک پروژه، هدف شناسایی مناطقی از یک پروتئین است که در عملکرد آن نقش مهمی دارند. کدام یک از تکنیک‌های بیوانفورماتیک ذیل را بدین منظور توصیه می‌کنید؟

(دکتری بیوتکنولوژی پزشکی سال ۱۳۹۲)

 - (۱) انطباق توالی چندتایی
 - (۲) مقایسه دوتایی از طریق انطباق منطقه‌ای
 - (۳) مقایسه دوتایی از طریق انطباق سرتاسری
 - (۴) مقایسه دوتایی از طریق نمودار نقطه‌ای
۵. کدام یک از توالی‌های زیر می‌تواند نمونه‌ای از موتیف G-[AC]-x-{RHK}-x3-C در PROSITE باشد؟

(کنکور وزارت علوم ۹۳ رشته بیوتکنولوژی میکروبی)

 - (۱) GAARCCC
 - (۲) GCCHACAC
 - (۳) GAAAACAC
 - (۴) GHHRHHHC

کلاسیفیکیشن دمین‌های پروتئینی (بانک‌های اطلاعاتی ثانویه)

۱. گزینه (۳)

اگر به طریقی توالی‌های مهم برای ساختمان و عملکرد اعضای یک خانواده را شناسایی کنیم، می‌توانیم آن توالی‌ها را معیاری برای تشخیص اعضای آن خانواده پروتئینی به کار برده و عملکرد احتمالی پروتئین مجهول را پیش‌گویی کنیم. اساس این کار، هم‌ردیفی چندگانه (Multiple Alignment) توالی‌های شناخته شده و پیدا کردن توالی‌های مشترک بین آن‌هاست.

۲. گزینه (۴)

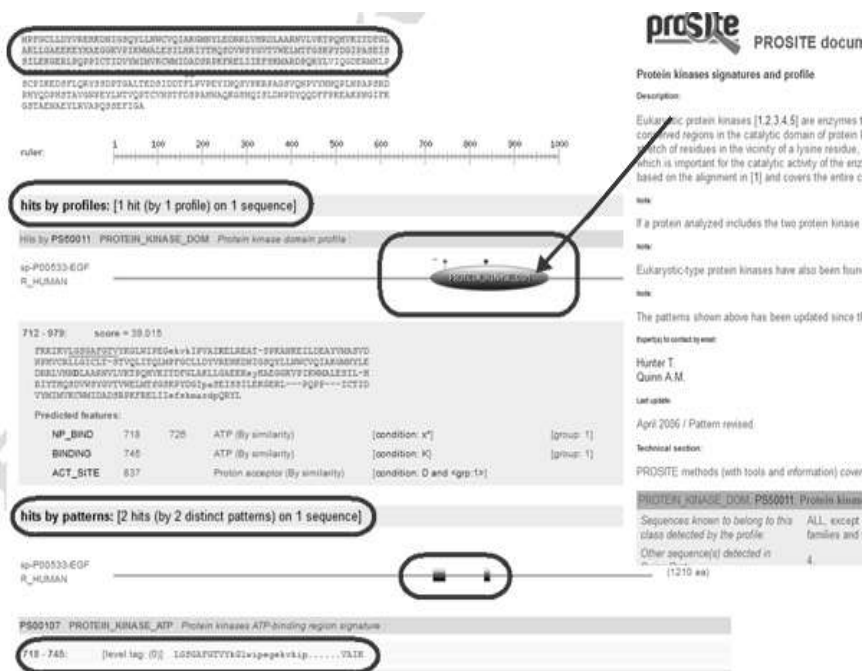
برای پیش‌بینی و فهم عملکرد یک پروتئین نواحی با حضور اسید آمینه‌های بسیار محافظت شده و بسیار متغییر حائز اهمیت می‌باشند.

۳. گزینه (۲)

پایگاه PROSITE از سال ۱۹۹۲ برای حل مشکل توالی‌های توافقی چاره‌ای اندیشید به این ترتیب که هم‌زمان با ارائه توالی‌های الگو، رکوردهای پروفایل را تعریف نمود. در این پروفایل‌ها فراوانی حضور یک اسید آمینه در یک موقعیت به علاوه خصوصیات بیوشیمیایی و بیوفیزیکی هر اسید آمینه و حفاظت تکاملی آن مبنای محاسبه امتیاز برای حضور اسید آمینه‌های مختلف در آن موقعیت قرار می‌گیرد.

در صفحه نتایج، تعداد دمین‌های یافت شده از نوع توالی الگو یا پروفایل مشاهده می‌شوند. در مثال زیر، یک پروفایل و دو توالی الگو مشخص شده است، همان‌طور که در تصویر مشخص است الگو بخشی از پروفایل است.

کلاسیفیکشن دمین‌های پروتئینی (بانک‌های اطلاعاتی ثانویه)



گزینه (۱) ۴.

۱۰۷ اساس شناسایی مناطقی از یک پروتئین که در عملکرد آن نقش مهمی دارند هم‌ردیفی چندگانه (Multiple Alignment) می‌باشد.

گزینه (۳) ۵.

در این سوال توالی الگوی به قرار زیر وجود دارد.

G-[AC]-X-{RHK}-X3-C

در این توالی در موقعیت "یک" G قرار می‌گیرد و در موقعیت "دو" A یا C می‌تواند قرار بگیرد. در موقعیت "سه" هر چیزی می‌تواند قرار بگیرد. در موقعیت "چهار" هر چیزی می‌تواند قرار بگیرد به غیر از R, H, K و در جایگاه‌های "پنج" تا "هفت" هر چیزی می‌تواند قرار بگیرد و در جایگاه "هشت" که آخرین جایگاه می‌باشد باید C قرار بگیرد. یک مثال دیگر:

به توالی الگوی زیر که بر مبنای مثالی برای مقایسه توالی‌های اسیدآمینه به دست آمده است توجه فرمایید:

[AS]-D-[TVL]-G-X4-{PG}-C

در این توالی، در موقعیت "یک" می‌توان آلانین (A) و یا سرین (S) داشت، در موقعیت "دو" آسپاریک اسید (D)، در موقعیت "سه" S یا V یا L، در موقعیت "چهار" G، در موقعیت "پنج" تا "هشت" هر اسیدآمینه (X)، در موقعیت "نه" هر اسیدآمینه به جز (P) یا (G) و در موقعیت "ده" اسیدآمینه (C) می‌تواند قرار بگیرد.

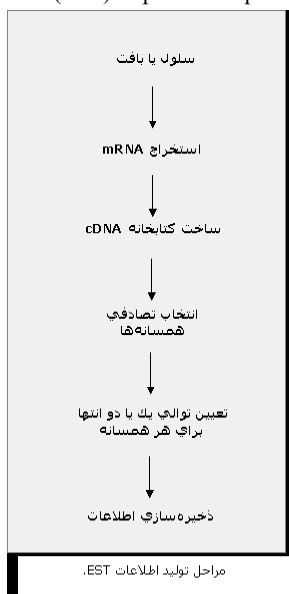
گزینه (۳) ۶.

بر اساس گزینه‌های اعلامی کنکور Pfam به عنوان پاسخ درست اعلام شده است. پایگاه Pfam حاوی اطلاعات مربوط به مدل‌های خانواده پروتئینی به‌طور عام است اطلاعات ذخیره شده در این پایگاه براساس مدل‌های مارکوف نهفته HMM ایجاد شده‌اند. به نظر می‌رسد گزینه ۱ پاسخ بهتری باشد.

۱. Expressed sequence Tag برای تشخیص کدام مورد، به کار می‌رود؟ (کنکور وزارت علوم رشته بیوتکنولوژی میکروبی سال ۹۳)
 - (۱) اینترون‌ها
 - (۲) ژن‌های RNA ریبوزومی
 - (۳) میکروساتلایت‌ها
 - (۴) ژن‌هایی که پروتئین‌ها را کد می‌کنند
۲. یافتن یک انطباق مناسب بدون در نظر گرفتن اندازه اینترون‌ها، کاربرد کدام ابزار است؟ (آزمون دکتری پروتئومیکس سال تمصیلی ۹۱-۹۲)
 - (۱) spidey
 - (۲) splign
 - (۳) cn3D
 - (۴) JGI
۳. کدام ابزار برای محاسبه انطباق‌های توالی‌های پیرایش شده و همچنین بین cDNA و ژنوم استفاده می‌شود؟ (آزمون دکتری پروتئومیکس سال تمصیلی ۹۱-۹۲)
 - (۱) Cn3D
 - (۲) splign
 - (۳) BioMart
 - (۴) UniGene DDD
۴. کدام ابزار برای مقایسه پروفایل‌های محاسبه شده بین ژن‌ها در مجموعه کتابخانه‌های cDNA کاربرد دارد؟ (آزمون دکتری پروتئومیکس سال تمصیلی ۹۱-۹۲)
 - (۱) UniGene DDD
 - (۲) OMSSA
 - (۳) BLAST
 - (۴) COG
۵. کدام ابزار مانع از پذیرش ژن‌های کاذب و پاراگوگ‌های نزدیک به توالی مورد نظر می‌شود؟ (آزمون دکتری پروتئومیکس سال تمصیلی ۹۱-۹۲)
 - (۱) Spidey
 - (۲) ORF
 - (۳) Splign
 - (۴) IMG
۶. کدام یک بیانگر کاربرد Splign است؟ (آزمون دکتری پروتئومیکس سال تمصیلی ۹۱-۹۲)
 - (۱) یافتن یک انطباق مناسب بدون در نظر گرفتن اندازه اینترون‌ها
 - (۲) محاسبه انطباق‌های توالی‌های پیرایش شده و نیز بین cDNA و ژنوم
 - (۳) مقایسه پروفایل‌های محاسبه شده بیان ژن‌ها
 - (۴) مقایسه توالی مورد نظر نوکلئوتیدی با بانک اطلاعاتی توالی پروتئین
۷. کدام یک سایتی برای جستجوی ژن‌های RNA به حساب می‌آید؟ (آزمون دکتری پروتئومیکس سال تمصیلی ۹۱-۹۲)
 - (۱) Rfam
 - (۲) FTP
 - (۳) GNN
 - (۴) UPR

۱. گزینه (۴)

شناسه توالی‌های رونویسی شده یا Expressed sequence tag (EST).



یکی از بهترین و قابل اعتمادترین راه‌های شناسایی واحدهای رونویسی، استفاده از روش مشهور به تعیین شناسه توالی‌های رونویسی یا EST می‌باشد. این توالی‌ها کوتاه بوده و از یک یا هر دو انتهای هر همسانه با یکبار توالی‌یابی مشخص می‌شوند (شکل روبه‌رو). در عمل، با استفاده از آغازگرهای مبتنی بر توالی ناقل اقدام به تعیین توالی انتهای قطعه درون یک همسانه از کتابخانه cDNA می‌شود که به طور تصادفی برداشته شده است. در صورتی که توالی دارای حداقل طول ۱۰۰ bp با کم‌تر از ۳ درصد نوکلئوتید نامشخص (N) باشد، آن توالی در پایگاه GenBank یا مشابه آن ذخیره می‌شود.

بانک سوالات

جمع آوری سوالات کنکور کاردانی به کارشناسی
کارشناسی ارشد و دکتری به صورت فصل بندی شده

سوالات تألیفی

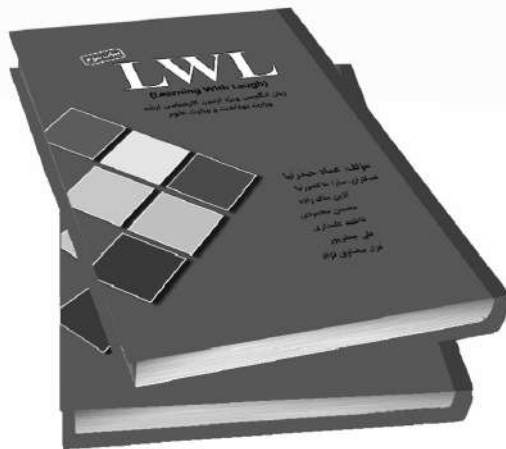
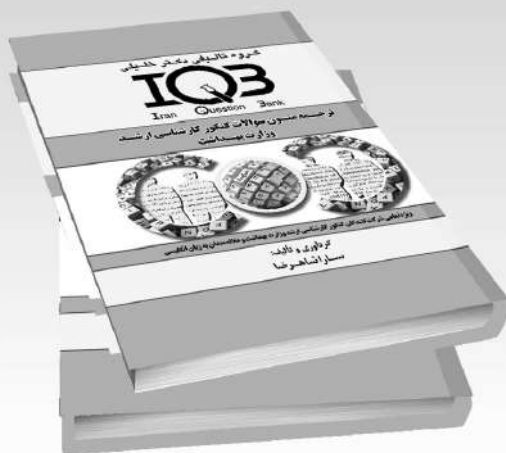
تألیف سوالات مشابه کنکور

جامع

حاوی تمامی مطالب و نکات لازم
برای کنکور براساس منابع

الگوریتم

چکیده‌ی تمامی مطالب و نکات لازم
برای کنکور براساس منابع



دریافت نمونه‌ی کتاب به صورت رایگان



www.agkins.com

بانک سوالات

جمع‌آوری سوالات کنکور کاردانی به کارشناسی
کارشناسی ارشد و دکتری به‌صورت فصل‌بندی شده

سوالات تألیفی

تألیف سوالات مشابه کنکور

جامع

حاوی تمامی مطالب و نکات لازم
برای کنکور براساس منابع

الگوریتم

چکیده‌ی تمامی مطالب و نکات لازم
برای کنکور براساس منابع



دریافت نمونه‌ی کتاب به‌صورت رایگان



www.agkins.com

شماره تماس با نمایندگی‌های فعال و رسمی آناهید گستر خلیلی

نماینده	شماره تماس	نماینده	شماره تماس
اراک (آقای حسینی)	۰۹۹۱۳۷۱۳۷۵۰	سیزوار (آقای شریفان)	۰۹۱۰۱۷۱۱۸۷۲
اردبیل (خانم عاصمی‌زاده)	۰۹۱۹۹۱۰۱۲۴۸	شاهرود (آقای سلمانی)	۰۹۹۱۳۷۱۳۷۴۱
ارومیه (آقای آرمیون)	۰۹۱۹۹۱۰۱۲۴۱	شهرکرد (خانم تقی‌پور)	۰۹۱۹۹۱۰۱۲۴۹
اسفراین (خانم اسماعیل‌زاده)	۰۹۱۹۶۳۲۱۸۵۲	شیراز (آقای فروردین/ خانم هوشمندی)	۰۹۱۹۵۷۳۰۱۵۲
اصفهان (آقای کیانی)	۰۹۱۹۵۷۳۰۱۵۰	فسا (خانم شعبانی)	۰۹۱۹۳۷۱۳۷۴۲
اهواز (آقای دکتر رضازاده)	۰۹۱۹۵۷۳۰۱۵۴	قزوین (خانم چگینی)	۰۹۱۹۵۷۳۰۱۴۹
ایلام (آقای دکتر بوچانی)	۰۹۱۹۰۹۸۰۳۱۸	کرج (آقای دکتر علیرضاپور)	۰۹۱۹۷۷۸۱۹۴۷
بروجرد (آقای احمدی‌صدر)	۰۹۱۹۶۸۵۳۱۱۶	کرمان (خانم ضمانتی‌یار)	۰۹۱۳۱۹۸۱۲۷۰
بم (خانم سرحدی‌نژاد)	۰۹۹۱۳۷۱۳۷۴۹	کرمانشاه (آقای ابراهیمی)	۰۹۱۹۵۷۳۰۱۴۸
بیرجند (آقای دکتر بهروان)	۰۹۱۹۵۹۰۷۲۰۳	کوهدشت (خانم یاریان)	۰۹۱۹۵۳۷۱۸۹۰
تبریز (خانم عاصمی‌زاده)	۰۹۱۹۵۷۳۰۱۴۷	گرگان (آقای شاه‌علی)	۰۹۱۹۹۱۰۱۲۴۷
جهرم (آقای یاعلی جهرمی)	۰۹۰۱۳۷۳۷۸۹۶	مراغه (آقای صمدی)	۰۹۱۹۵۷۳۳۱۷۹
جیرفت (خانم دکتر محمدی)	۰۹۱۹۹۱۰۱۲۴۰	مشهد (خانم دکتر شجاعی)	۰۹۹۱۳۷۱۳۷۴۴
خرم‌آباد (خانم میر)	۰۹۱۹۲۷۰۵۸۷۸	میاندوآب (آقای صمدی)	۰۹۱۹۵۷۳۳۱۷۹
رشت (خانم تنها)	۰۹۱۹۵۷۳۰۱۵۳	نیشابور (آقای موسوی)	۰۹۱۹۶۳۵۰۷۶۸
رفسنجان (آقای یوسفی)	۰۹۱۹۶۸۲۹۲۸۰	هرمزگان (آقای زارعی)	۰۹۱۹۵۷۳۳۲۸۴
زاهدان (آقای مهمان‌دوست)	۰۹۱۹۹۱۰۱۲۴۵	همدان (آقای سوری)	۰۹۱۹۵۷۳۰۱۵۵
زنجان (خانم دکتر هوشیار)	۰۹۱۹۲۷۰۵۸۷۱	یاسوج (آقای مرتضوی)	۰۹۱۹۵۹۰۷۲۰۴
ساری (آقای دکتر اکبری)	۰۹۱۹۷۷۸۱۹۴۴	یزد (خانم آزاد)	۰۹۱۹۹۱۰۱۲۴۳

بانک کتاب ناهید



«هر کتابی، از هر انتشاراتی را از ما بخواهید»

✓ جامع‌ترین بانک کتاب

✓ تحویل روزانه

✓ ارسال به تمامی نقاط کشور

✓ سفارش کتاب به‌صورت تلفنی و آنلاین

www.NIBS.ir



کتاب دانشگاهی، فنی و مهندسی، علوم پزشکی، علوم انسانی، عمومی،

ادبی، مذهبی، کمک آموزشی، کودک و نوجوان و کتاب نفیس

فروشگاه: تهران - خیابان انقلاب - روبه‌روی درب اصلی دانشگاه تهران

پاساژ فروزنده - طبقه همکف - پلاک ۳۳۱

تلفن: ۰۲۱ - ۶۶۴۸۹۳۷۵ - ۰۲۱ - ۶۶۴۸۹۳۴۹