

Biyoenformatik ve Hesaplamalı Biyoloji Nedir?

Çalışma Kağıdı

Biyoenformatik, biyolojik verilerin analizinde bilgisayar bilimleri ve istatistik yöntemlerini kullanırken, hesaplamalı biyoloji bu verileri kullanarak biyolojik sistemlerin modellerini oluşturur ve simülasyonlar yapar.

Sorular

1. Aşağıdakilerden hangisi biyoenformatik ve hesaplamalı biyolojinin bir uygulaması DEĞİLDİR?

- A) Gen dizilerini analiz etmek
- B) Protein yapısını tahmin etmek
- C) Yeni bir ilaç molekülü sentezlemek
- D) Biyolojik ağları modellemek

2. Biyoenformatik'te sıkça kullanılan bir araç olan BLAST'ın açılımı nedir?

- A) Biological Logic Analysis System Tool
- B) Basic Local Alignment Search Tool
- C) Bioinformatics Laboratory and Analysis Software
- D) Big Data Logic and Sequence Tool

3. Hesaplamalı biyolojinin temel amacı, biyolojik sistemleri anlamak için hangi yöntemi kullanmaktır?

- A) Laboratuvar deneyleri yapmak
- B) Mikroskop altında incelemek
- C) Bilgisayar modelleri ve simülasyonlar oluşturmak
- D) Biyolojik örnekleri toplamak

4. Gen dizileme verilerini analiz etmek için biyoenformatik araçları nasıl kullanılır?

5. Bir proteinin üç boyutlu yapısını tahmin etmek için hesaplamalı biyoloji yöntemleri nelerdir?

6. Sistem biyolojisinde biyoenformatik ve hesaplamalı biyoloji nasıl entegre edilir?

7. Tanımla: Biyoenformatik'in temel amacı nedir?

8. Tanımla: Hesaplamalı Biyoloji'nin odak noktası nedir?

9. Tanımla: BLAST nedir ve ne için kullanılır?

Cevap Anahtarı

1. C) Yeni bir ilaç molekülü sentezlemek — Yeni bir ilaç molekülü sentezlemek daha çok kimya ve farmakoloji alanına girer; biyoenformatik ve hesaplamalı biyoloji bu süreçte veri analizi ve modelleme ile destek olabilir ancak ana uygulama alanı değildir.
2. B) Basic Local Alignment Search Tool — BLAST, 'Basic Local Alignment Search Tool' anlamına gelir ve biyolojik dizilerin karşılaştırılmasında yaygın olarak kullanılır.
3. C) Bilgisayar modelleri ve simülasyonlar oluşturmak — Hesaplamalı biyoloji, biyolojik sistemlerin davranışlarını ve işleyişini anlamak için bilgisayar modelleri ve simülasyonlardan yararlanır.
4. 1. Ham dizileme verileri elde edilir. 2. Biyoenformatik yazılımları (örn. BLAST) kullanılarak bu diziler referans genomlarla karşılaştırılır. 3. Varyantlar, mutasyonlar ve genetik işaretleyiciler belirlenir. 4. Elde edilen bilgilerle gen fonksiyonları ve evrimsel ilişkiler hakkında çıkarımlar yapılır.
5. 1. Amino asit dizisi elde edilir. 2. Moleküler modelleme ve simülasyon yazılımları (örn. Rosetta, AlphaFold) kullanılır. 3. Enerji minimizasyonu ve moleküler dinamik simülasyonları ile olası yapılar belirlenir. 4. Tahmin edilen yapılar deneysel verilerle karşılaştırılarak doğrulanır.
6. 1. Gen ekspresyonu, protein-protein etkileşimleri gibi büyük ölçekli biyolojik veriler toplanır. 2. Biyoenformatik araçları ile veriler filtrelenir ve anlamlı örüntüler aranır. 3. Hesaplamalı modeller (örn. ağ modelleri, diferansiyel denklemler) ile sistemin dinamiği simüle edilir. 4. Simülasyon sonuçları biyolojik hipotezleri test etmek ve yeni deneyler tasarlamak için kullanılır.
7. Biyolojik verileri analiz etmek ve yorumlamak için bilgisayar bilimleri ve istatistiksel yöntemleri kullanmak.
8. Biyolojik sistemlerin modellenmesi, simülasyonu ve bu modeller aracılığıyla anlaşılması.
9. Basic Local Alignment Search Tool; nükleotit veya protein dizilerini veritabanlarındaki diğer dizilerle karşılaştırmak için kullanılır.

Bounlu

Tüm kartlar, adım adım çözümler ve AI hoca desteği Notek uygulamasında.
Sınav tarihlerini Promy otomatik hatırlatıcıya çevirir.