



אותות ומערכות - מועד ב תשע"ה 11.9.15

גרסה מספר 14598325

שם הסטודנט _____

ת.ז. _____

סטודנט/ית יקר/ה,

הבוחן כולל: 20 שאלות

אנא קרא/י את ההוראות לפני שתענה על השאלות:

- קדד את מספר תעודת הזהות שלך משמאל לימין – ספרה אחת בכל עמודה, במקום המיועד לכך (המשבצות בצד שמאל למעלה).
- בצד ימין יש למלא את פרטיך בכתב.
- סימון שתי תשובות כנכונות יחשב כשגיאה גם אם אחת מהן נכונה.
- סמן את תשובתך באופן ברור ובעט כדורי בלבד על ידי סימון .
- בכל מקרה של אי התאמה בין טופס הקידוד לסימון בשאלון הבחינה- טופס הקידוד הוא הקובע.

משך הבחינה: שעתיים

אני (שם ומשפחה) _____ ת.ז. _____ נבחנת בבחינה זו, מצהירה כי לא אעתיק ולא אשתמש באמצעים המנוגדים לטוהר הבחינות בטכניון.

חתימה _____

אותות ומערכות מועד ב' 11.9.15

1. חשב את מרחק Hamming בין 01001000111 ל- 10110001001 ?

א. 8

ב. 10

ג. 12

ד. מרחק Hamming ניועד לחישוב בין שני רצפי ניוקלאוטידים, ואינו מתאים לרצפים הנתונים

2. מה יהיה הפלט של הפקודה הבאה?

```
mystring = 'My name is Sarah. I love.. MATLAB! Do you??';  
regexp(mystring, '\W\s', 'split');
```

א. 'My name is Sarah' 'I love.' 'MATLAB' 'Do you??'

ב. 'My name is Sarah.' 'I love..' 'MATLAB!' 'Do you??'

ג. 'My' 'name' 'is' 'Sarah.' 'I' 'love..' 'MATLAB!' 'Do' 'you??'

ד. 'My name is Sarah.' 'I love.' 'MATLAB' 'Do you?'

ה. 'My' 'name' 'is' 'Sarah' " 'I' 'love' " " 'MATLAB' " 'Do' 'you' " "

3. לחלבון X רצף DNA באורך M. ביצעת השוואה Needleman-Wunsch של הרצף לקבוצה של N רצפים מאותה משפחת חלבונים (כולם באורך M כך שניתן לסדר אותם במטריצה NXM). רצף Y זוהה כרצף בעל ה-alignment הטוב ביותר ל-X (ניקוד של 720).

איזו מבין הבדיקות הבאות תספק את ההערכה המתמירה ביותר שתוצאת ה-alignment בין X ל-Y מבוססת על רצף בעל דמיון גלובלי נרחב המכיל מידע עשיר (כלומר רצפים ארוכים יחסית של דמיון שאינם חזרתיים)?

א. השוואה ל-N רצפים של חלבונים באורך M שנבחרו באופן אקראי מתוך מאגר חיצוני

ב. השוואה ל-N רצפים, שכל אחד מהם נוצר ע"י ערבול של ניוקלאוטידים בתוך כל אחד מ-N הרצפים הנתונים פעם אחת

ג. ערבול של הרצף Y, N פעמים והשוואה כל אחד מהרצפים שהתקבלו ל-X

ד. ערבול של הרצף Y, P פעמים (P>N) והשוואה כל אחד מהרצפים שהתקבלו ל-X

4. איזה מהמשפטים נכון לגבי הבדל בין אלגוריתם (SW) Needleman ו-Smith-Waterman (NW) Wunsch ?

- א. אלגוריתם SW משתמש בטבלה בעלת ערכים חיוביים בלבד, בעוד בטבלה של אלגוריתם NW ערכים חיוביים ושיליים
- ב. אלגוריתם NW פועל רק על רצפי חומצות אמינו, בעוד אלגוריתם SW פועל גם על רצפי נוקלאוטידים
- ג. אלגוריתם SW יכולים לגלות מספר מסלולים אופטימליים לעימוד בעוד שב-NW רק אחד
- ד. אלגוריתם SW מבוצע באמצעות תכנות דינמי בעוד NW מבוצע באמצעות רקורסיה

5. במעבדת מחקר משווים בין רצפים של חלבוני HLA של תורמים לרצף החלבון אצל החולה הזקוק להשתלה. יום אחד, החליטו במעבדה לשנות את שיטת הניקוד ל-alignment, עבור הארכה (אך לא התחלה) של gap. בעוד שלפני השינוי התשלום ל-gap היה 2- עכשיו אותה התאמה מעניקה ניקוד של 1-.

בכדי לזהות את התורם בעל הרצף עם ההתאמה הטובה ביותר, מה נכון?

- א. יש לחשב את כל המרחקים מחדש לכל הרצפים
- ב. הניקוד ישתנה אך ורק אצל אותם תורמים שכבר יש להם gap ב-alignment
- ג. זהות התורם הטוב ביותר לא תשתנה באם לא היה לו gap ב-alignment עם רצף המושתל
- ד. בכדי שזהות התורם תשתנה, מספר ה-gaps שיתווספו לרצף המדורג שני, צריכה להצטמק לכמחצית מההפרש בין תוצאות ה-alignment שלהם

6. לחלבון X רצף DNA באורך M. ביצעת השוואה Needleman-Wunsch של הרצף לקבוצת של N רצפים כולם ממשפחת חלבונים Z. תוצאת החישוב הינה התפלגות של תוצאות ה-alignments עם ממוצע של-2.3 ומקסימום של 4.7, וזאת לאחר תיקון סטטיסטי לאורכי הרצפים השונים. תרצה לחשב את ההסתברות שחלבון X הוא חבר במשפחה שאליה ביצעת את ההשוואה (לצרכי השאלה, השתייכות חלבון X למשפחת חלבונים נקבעת על סמך ממוצע התפלגות הדמיון לרצפים הנבדקים).

איזו מבין הבדיקות הבאות תהיה הנכונה ביותר לביצוע ?

- א. שליפה של N רצפי חלבונים מתוך מאגר חייוני, השוואתם ל-X (כולל תיקון סטטיסטי לאורך) ולקיחת הממוצע של N ההשוואות. חזרה על תהליך זה מספר רב של פעמים, והשוואת הממוצעים שהתקבלו ל-תוצאה שהתקבלה מ-Z ערבול של ניוקלאוטידים בתוך כל אחד מ-N הרצפים הנתונים פעם אחת, והשוואתם ל-X ולקיחת הממוצע של N ההשוואות. חזרה על תהליך זה מספר רב של פעמים, והשוואת הממוצעים שהתקבלו ל-תוצאה שהתקבלה מ-Z.
- ב. שליפה של N רצפי חלבונים השייכים למשפחת חלבונים אחת מתוך מאגר חייוני, השוואתם ל-X (כולל תיקון סטטיסטי לאורך) ולקיחת הממוצע של N ההשוואות. חזרה על תהליך זה מספר רב של פעמים (כל פעם תיבחר משפחת חלבונים אחרת), והשוואת הממוצעים שהתקבלו ל-תוצאה שהתקבלה מ-Z.
- ג. שליפה של N רצפי חלבונים מתוך מאגר חייוני, השוואתם ל-X (כולל תיקון סטטיסטי לאורך) ולקיחת המקסימום של N ההשוואות. חזרה על תהליך זה מספר רב של פעמים, והשוואת הממוצעים שהתקבלו ל-תוצאה שהתקבלה מ-Z.
- ד. שליפה של N רצפי חלבונים מתוך מאגר חייוני, השוואתם ל-X (כולל תיקון סטטיסטי לאורך) ולקיחת המקסימום של N ההשוואות. חזרה על תהליך זה מספר רב של פעמים, והשוואת הממוצעים שהתקבלו ל-תוצאה שהתקבלה מ-Z.

7. נבצע את השאילתה אשר מוגדרת ע"י המחרוזת הבאה :

```
'SELECT Donor_ID,Sequence FROM HLA_seq, Donor_Clinical_stable WHERE
  Donor_Clinical_stable.HLA_A_variant = HLA_seq.Sequence_ID AND
  Donor_Clinical_stable.BloodGrp = 'O'
```

מה נקבל?

- א. רשומות המתארות את כל רצפי ה-HLA הקיימים במאגר
- ב. רשומות המתארות את כל רצפי ה-HLA-A הידועים בתורמים מקבוצת דם O הרשומים במאגר
- ג. רשומות המתארות את כל רצפי ה-HLA-A הידועים בתורמים מקבוצת דם O הרשומים במאגר ואת מספר הזהות של תורמים אלו
- ד. רשומות המתארות את כל רצפי ה-HLA הידועים בתורמים מקבוצת דם O הרשומים במאגר ואת מספר הזהות של תורמים אלו

8. בעקבות התפרצות של מגיפה, בודדת חיידק מחולה, וריצפת את ה-DNA שלו. השתמשת בתוכנה המזהה את האזורים ברצף היכולים לקודד לחלבונים, ותרצה לזהות האם אחד מהם מקודד לחלבון בעל חמישה functional domains הידוע שמופיע רק בחיידקים פתוגנים.

צורת ה-Alignment המתאימה ביותר תהיה :

- א. גלובאלית ברמת ה-DNA עם ניקוד מאוד מחמיר לפתיחת מרווחים.
- ב. לוקאלית (מקומית) ברמת ה-DNA
- ג. גלובאלית ברמת החלבון עם ניקוד מאוד מחמיר לפתיחת מרווחים.
- ד. לוקאלית ברמת החלבון
- ה. אין ההעדפה לשימוש באלגוריתם גלובאלי או לוקאל

9. ניתן לתאר את הדינמיקה של מחלת המלריה ע"י מערכת המשוואות :

$$\dot{h} = (\alpha m - c)(1 - h)$$

$$\dot{m} = (\beta h - d)(1 - m)$$

(h ו-m פרופורציונליים למספר האנשים והיתושים הנגועים במחלה)

נתון כי למערכת משוואות זו יכולות שתי נקודות שבת : (1,1) בה המחלה ממשיכה להדביק, ונקודה נוספת שלא נטפל בה כעת. חשוב לדעת האם הנקודה (1,1) היא נקודה יציבה או לא.

עבור איזה סט פרמטרים, נקבל כי הנקודה (1,1) יציבה?

- א. $c = 0.7 \quad d = 0.5 \quad \alpha = 0.9 \quad \beta = 0.7$
- ב. $c = 0.7 \quad d = 0.5 \quad \alpha = 0.9 \quad \beta = 0.4$
- ג. $c = 0.7 \quad d = 0.5 \quad \alpha = 0.9 \quad \beta = 0.4$
- ד. $c = 0.6 \quad d = 0.8 \quad \alpha = 0.2 \quad \beta = 0.4$
- ה. $c = 0.6 \quad d = 0.8 \quad \alpha = 0.2 \quad \beta = 0.4$
- ו. $c = 0.6 \quad d = 0.5 \quad \alpha = 0.2 \quad \beta = 0.7$
- ז. $c = 0.6 \quad d = 0.5 \quad \alpha = 0.2 \quad \beta = 0.7$

10 יש תלות בין אוכלוסיות של טורפים (ציידים) לנטרפים בטבע (לדוגמא ארנבים ושועלים). המודל המתמטי הבא מתאר קירוב של יחסים אלו:

$$\frac{dx}{dt} = x(a - by)$$
$$\frac{dy}{dt} = y(cx - d)$$

ידוע כי ארבעת הפרמטרים שמופיעים במשוואות הם חיוביים. במשפטים הבאים, הכוונה ב"כמות אינסופית של אוכל" היא שבלי טורפים, אוכלוסיית הנטרפים הייתה גדלה ללא גבול.

איזה מבין המשפטים הבאים נכון ביותר?

- א. x הוא צייד, y הוא נטרף, לנטרף יש כמות מוגבלת של אוכל
- ב. x הוא צייד, y הוא נטרף, לנטרף יש כמות אינסופית של אוכל
- ג. x הוא נטרף, y הוא צייד, לנטרף יש כמות מוגבלת של אוכל
- ד. x הוא נטרף, y הוא צייד, לנטרף יש כמות אינסופית של אוכל

11 המודל הבא מתאר את הדינמיקה של מחלת העגבת באוכלוסייה :

$$\frac{dS}{dt} = -\beta SI + \gamma(N - S - I)$$

$$\frac{dI}{dt} = \beta SI - \nu I$$

כאשר כל הפרמטרים חיוביים.

מהם עקומי האפס (nullclines) של המערכת?

I nullclines	S nullclines	
$S = \frac{\nu}{\beta}$	$S = \frac{\gamma(N - I)}{\beta I + \gamma}$	א
$S = \frac{\gamma(N - I)}{\beta I + \gamma}$	$I = \frac{\gamma(N - I)}{\beta I + \gamma}, I = 0$	ב
$I = \frac{\gamma(N - I)}{\beta I + \gamma}, I = 0$	$S = \frac{\nu}{\beta}$	ג
$I = \frac{\gamma(N - S)}{\beta S + \gamma}$	$I = 0, S = \frac{\nu}{\beta}$	ד
$I = 0, S = \frac{\nu}{\beta}$	$I = \frac{\gamma(N - S)}{\beta S + \gamma}$	ה

נתון הפתרון הבא :

$$x(t) = a(1 - e^{bt}) + ce^{bt}$$

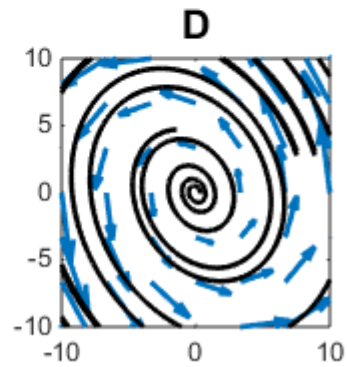
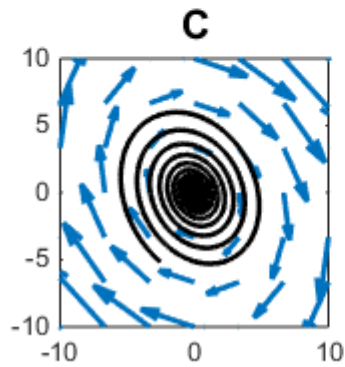
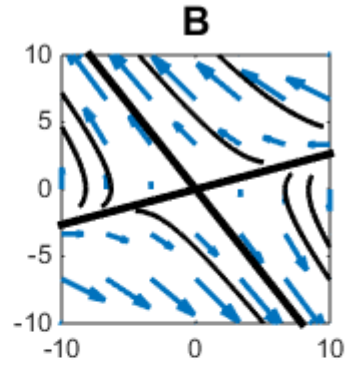
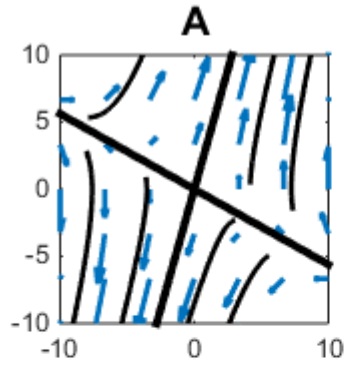
מהם המשוואה הדיפרנציאלית ותנאי ההתחלה המתאימים?

- א. $\dot{x} = ax + c, x(0) = b, \dot{x} = ax + c, x(0) = b$
- ב. $\dot{x} = bx - ab, x(0) = c, \dot{x} = bx - ab, x(0) = c$
- ג. $\dot{x} = ax + bc, x(0) = c, \dot{x} = ax + bc, x(0) = c$
- ד. $\dot{x} = bx + a, x(0) = c, \dot{x} = bx + a, x(0) = c$
- ה. $\dot{x} = bx - a, x(0) = c, \dot{x} = bx - a, x(0) = c$

13 נתונה המערכת הדינמית הבאה :

$$\dot{x} = \begin{pmatrix} 1 & 6 \\ -8 & -2 \end{pmatrix} x$$

נתונים ארבעה תרשימים, כאשר בכלם משורטט x_2 לעומת x_1 למען הסר ספק, ב C הזרימה היא לעבר ראשית הצירים, וב D הזרימה היא בכיוון ההפוך. איזה מהתרשימים הבאים מתאר את התנהגות המערכת במרחב הפאזה?

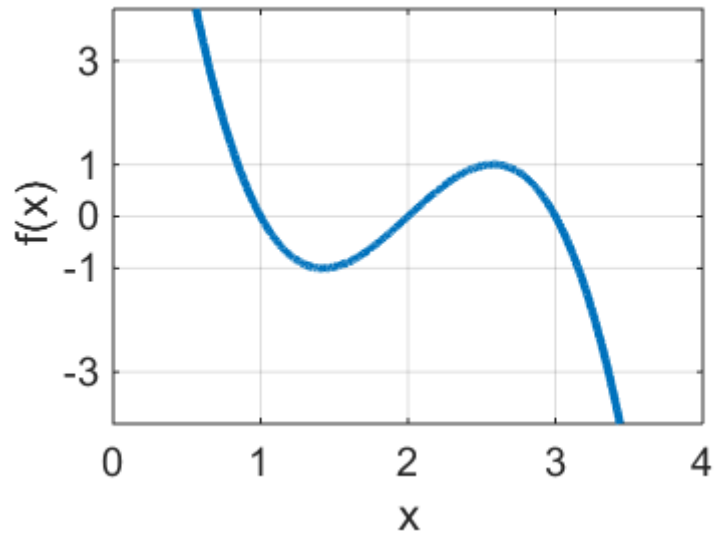


- A .א
- B .ב
- C .ג
- D .ד

14 נתונה המערכת הדינמית הבאה :

$$\dot{x} = f(x) + a(t)$$

כאשר הפונקציה $f(x)$ מתוארת בתרשים הבא :



$$f(x) = -(x-1)(x-2)(x-3)$$

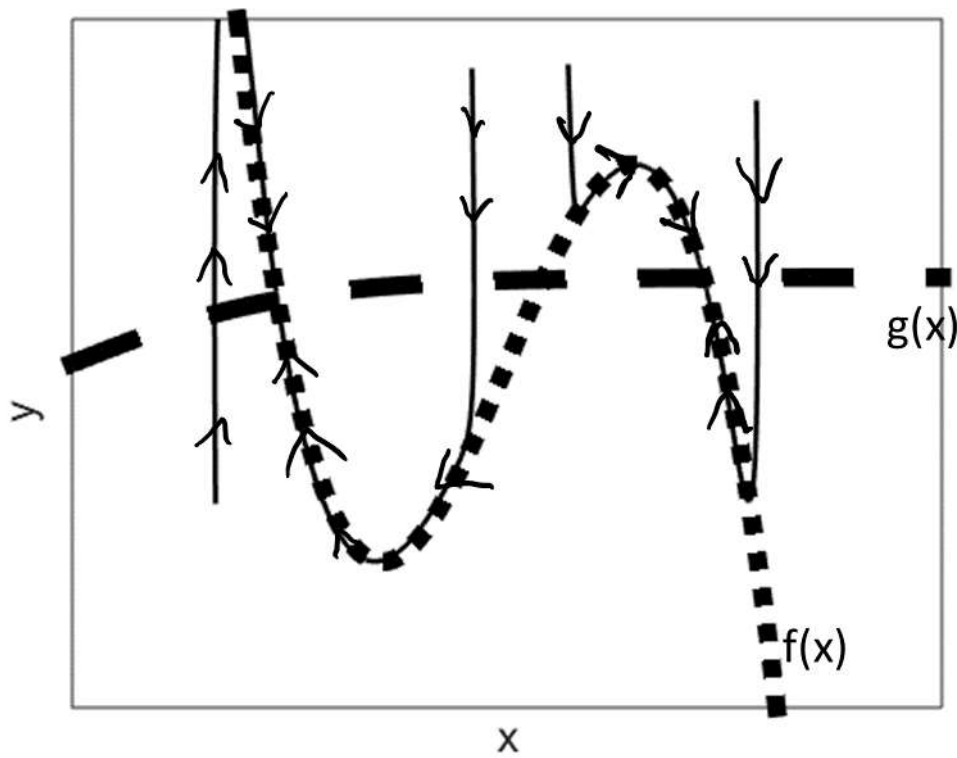
הקלט $a(t)$ מתואר נתון ע"י :

$$a(t) = \begin{cases} 0 & t < 10 \\ 2 & 10 < t < 50 \\ 0 & t > 50 \end{cases}$$

ובנוסף, הערך של X בזמן אפס הוא אפס.

מה יהיה הערך של X בזמן 100?

- א. 0
- ב. 1
- ג. $\sqrt{2}$
- ד. 2
- ה. 3



הקווים השחורים עם החצים מייצגים מסלולים שונים.
הקווים העבים מייצגים שתי פונקציות של x , כמסומן.

מהן המשוואות שמתארות את הדינמיקה בתרשים זה?

$\dot{x} = 0.01(y - f(x)) \quad \dot{y} = (-y + g(x))$	א
$\dot{x} = 0.01(y - g(x)) \quad \dot{y} = (-y + f(x))$	ב
$\dot{x} = (y - f(x)) \quad \dot{y} = 0.01(-y + g(x))$	ג
$\dot{x} = (y - g(x)) \quad \dot{y} = 0.01(-y + f(x))$	ד
$\dot{x} = (x - g(x)) \quad \dot{y} = 0.01(-x + f(x))$	ה

16 אנו מעוניינים לבצע סימולציה נומרית של המשוואה הבאה :

$$c\dot{x} = ax + b$$

איזה קטע קוד נצפה למצוא בתוך הלולאה?

- א. $x(t) = x(t) + dt*(a*x(t) + b)/c$
- ב. $x(t) = x(t)/c + dt*(a*x(t) + b)$
- ג. $x(t) = x(t-1) + dt*(a*x(t-1)/c + b)$
- ד. $x(t) = x(t-1)/c + dt*(a*x(t-1) + b)$
- ה. $x(t) = x(t-1) + dt*(a*x(t-1) + b)/c$

שאלות פתוחות - גנומיקה

1. במדגם מיצג נאסף מידע על גובהם של תינוקות הנולדים במחלקת יולדות א' או ב'. שרטט שתי התפלגויות גובה שבמבחן סטטיסטי מסוג T Student (Ttest) ימצא הבדל אבל במבחן המתבסס על רנומזציה לא ימצא הבדל משמעותי בין התפלגות הגובה בין שתי הקבוצות.
2. מלא את הטבלה לפי אלגוריתם SW, ומצא את ההתאמה בין שני הרצפים ACTTG ו-ATTGC (סמן את המסלול על המטריצה) הנח הניקוד : match = 1, mismatch = -2, gap = -1

		A	T	T	G	C
	0					
A						
C						
T						
T						
G						

שאלות פתוחות – דינמיות

1. נתונה המערכת הדינמית הבאה:

$$\dot{x} = x + 3y^2 + 5y$$

$$\dot{y} = x^3 - 5x + y$$

אנו מעוניינים להבין את התנהגות המערכת קרוב מאוד לראשית הצירים.

$$\begin{pmatrix} 1 & 5 \\ 3x^2 - 5 & 1 \end{pmatrix}$$

$$\begin{pmatrix} 1 & 5 \\ -5 & 1 \end{pmatrix}$$

שרטטו מספר מסלולים (בין 1 ל-4, כך שיבהירו שהתנהגות האיכותית של המערכת מובנת) המתחילים ליד ראשית הצירים.

$$\Sigma = 2$$

$$\Delta = 26$$

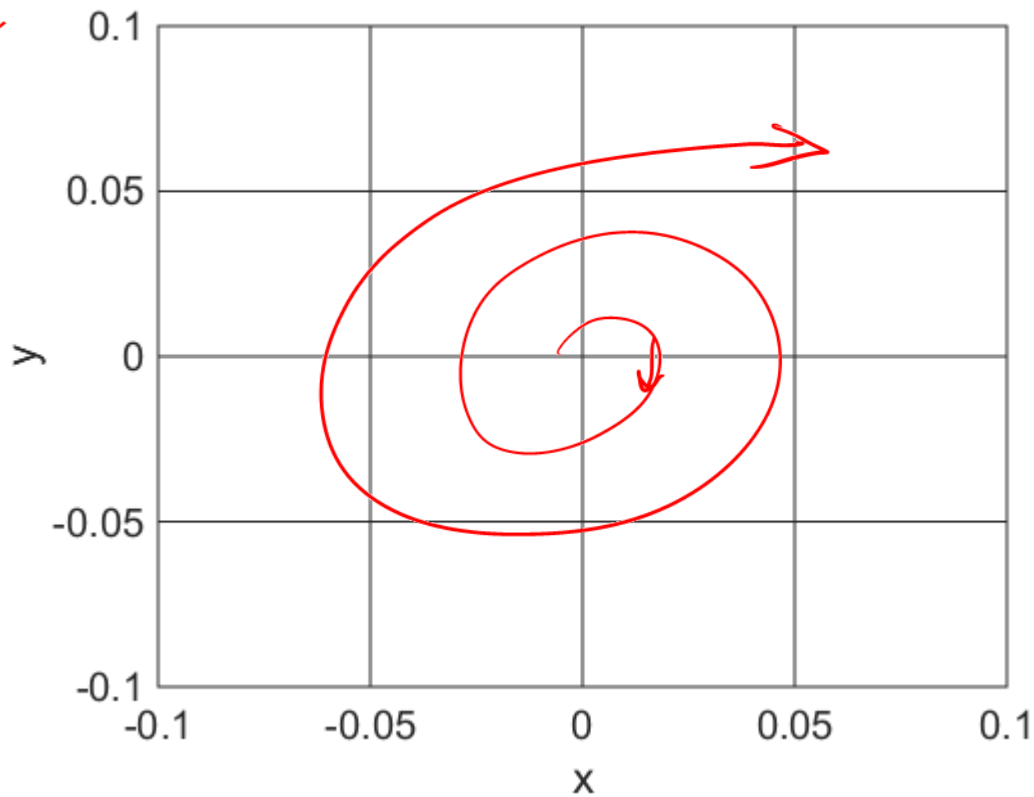
$$\Sigma^2 - 4\Delta < 0$$

סביבת: אל

יציבה

$$(0.01)^3 - 5(0.01) + 0 = -0.05 \rightarrow \dot{y} < 0$$

ז גיר (0.01, 0)



.2

נתונה המערכת הדינמית הבאה

$$\dot{x} = f(x)$$

שרטטו פונקציה $f(x)$ כך ש:

- א. למערכת הדינמית יהיו שתי נקודות שבת יציבות ושתי נקודות שבת לא יציבות
- ב. עבור תנאי התחלה $x=5$, המערכת לא תגיע לאף נקודת שבת.
- ג. עבור תנאי התחלה $x=0$, המערכת תגיע לנקודת שבת.

- קיראו היטב את הגדרת המערכת הדינמית והדרישות לפני השרטוט!
- שימו לב למספרים על הצירים.

