

# 中山醫學大學 100 學年度碩士班入學招生考試試題

## 生物醫學科學系碩士班 (甲組)

考試科目：生物資訊

時間：80 分鐘

※請注意本試題共 ( 2 ) 張，如發現頁數不足，應當場請求補齊，否則缺頁部份概以零分計算。 第 ( 1 ) 頁

本試題共 兩大題，總分 100 分。

一、選擇題：(每題 5 分，佔 40%)

1. 請問利用 NCBI 的資料庫查詢疾病的致病基因基因座 (Locus)，請問一下利用遺傳連鎖 (Linkage) 的方法分析，查詢該致病基因位於哪一條人類染色體上，要查詢下列哪一個資料庫最合適？ (A) SNP 資料庫 (B) PDB 資料庫 (C) UniGene 資料庫 (D) Map viewer 資料庫。
2. 今天你需要查詢有關於遺傳疾病方面的資訊，下面哪一個資料庫最適合用來使用？ (A) OMIM (B) Ensembl (C) MapViewer (D) Entrez。
3. 問下列那一種資料庫序列搜尋比對的方法，其搜尋序列的結果其靈敏度最高？ (A) String search (B) BLAST search (C) NCBI Map viewer (D) Sanger Pfam database search。
4. 請問在查詢 dbSNP 資料庫時依據 SNPs 位於基因的位置將 SNP 分為很多類，其中 cSNP 是位於該基因結構上的哪個位置？ (A) 5'UTR (B) intron region (C) coding region (D) 3'UTR。
5. 請問在 NCBI Blast 的查詢時，下列哪個資料庫不屬於蛋白質資料庫？ (A) nr (non-redundant) (B) PDB (protein data bank) (C) swissprot (D) htgs。
6. 請問下面哪一個軟體，可以進行兩個蛋白質 3D 結構之間的比較？ (A) PDB viewer (B) BLAST (C) Swiss-pdbviewer (D) Hammer。
7. 請問顯示 PDB 3D 的蛋白質結構時，所使用的 Ramachandran Plot 所代表的蛋白質結構的意義？ (A) 蛋白質的一級結構 (B) 蛋白質的二級結構 (C) 蛋白質的三級結構 (D) 蛋白質的四級結構。
8. 請問在 NCBI Entrez 資料庫中，來找尋 SARS Spike Protein 的序列，在請問 FASTA 格式中 "序列敘述" 的部份，第一個字元是以什麼符號作為起始？ (A) > (B) = (C) ^ (D) \*。

# 中山醫學大學 100 學年度碩士班入學招生考試試題

## 生物醫學科學系碩士班（甲組）

考試科目：生物資訊

時間：80 分鐘

※請注意本試題共（ 2 ）張，如發現頁數不足，應當場請求補齊，否則缺頁部份概以零分計算。 第（ 2 ）頁

### 二、問答題：(每題 15 分，佔 60%)

1. 請以分子生物學的中心教條 (Central Dogma) 理論，來探討在分子層面的主要範疇中所呈現資訊 (DNA->RNA->Protein) 的問題，並且分別舉例來說明 "生物資訊學" 的方法與工具，在此三個範疇之中分析策略與相關的應用。(15%)
2. 解釋名詞:(各 5 分, 共 15%)  
(請簡述名詞的意義，並且舉例說明一項與該名辭有關的生物資訊分析工具)
  - I. SNP (Single Nucleotide Polymorphism)
  - II. EST (Expressed Sequence Tag)
  - III. Protein domain
3. 請說明生物晶片(Microarray)的相關應用及分析的方法。(15%)
4. 生物資訊學的分析工具與資料庫玲瑯滿目，涵蓋層面也保羅萬象，請舉例說明一項自己熟悉的工具或資料庫，並且說明該工具可以應用的範圍，以及所能解決生物或醫學的問題。(15%)