به نام یزدان پاک

همه سوال های

دکترای تخصصی (Ph.D)

ژنتیک و به نژادی گیاهی
(اصلاح نباتات)

۱۴۰۴-۱۴۰۵

گردآورندگان

گروه مولفین پردازش

فهرست مطالب

پیش گفتار ۷

آزمون دکترای ژنتیک و به‌نژادی گیاهی ۱۴۰۴

آمار و طرح آزمایش‌ها ۱۱
پاسخ‌نامه آمار و طرح آزمایش‌ها ۱۳
درسنامه مروری آمار و طرح آزمایش‌ها ۲۷
ژنتیک ۳۶
پاسخ‌نامه ژنتیک ۳۷
درسنامه مروری ژنتیک ۵۲
اصلاح نباتات ۶۱
پاسخ‌نامه اصلاح نباتات ۶۲
درسنامه مروری اصلاح نباتات ۷۲
ژنتیک پیشرفته ۷۶
پاسخ‌نامه ژنتیک پیشرفته ۷۸
درسنامه مروری ژنتیک پیشرفته ۹۲
ژنتیک کمی ۹۶
پاسخ‌نامه ژنتیک کمی ۹۷
درسنامه مروری ژنتیک کمی ۱۰۵
به‌نژادی گیاهی پیشرفته (اصلاح نباتات تکمیلی) ۱۰۹
پاسخ‌نامه به‌نژادی گیاهی پیشرفته (اصلاح نباتات تکمیلی) ۱۱۰
درسنامه مروری به‌نژادی گیاهی پیشرفته (اصلاح نباتات تکمیلی) ۱۲۱
بیومتری ۱۲۵
پاسخ‌نامه بیومتری ۱۲۷
درسنامه مروری بیومتری ۱۳۸

آزمون دکترای ژنتیک و به‌نژادی گیاهی ۱۴۰۵

آمار و طرح آزمایش‌ها ۱۴۱
پاسخ‌نامه آمار و طرح آزمایش‌ها ۱۴۳
درسنامه مروری آمار و طرح آزمایش‌ها ۱۵۶
ژنتیک ۱۶۴
پاسخ‌نامه ژنتیک ۱۶۵
درسنامه مروری ژنتیک ۱۷۵
اصلاح نباتات ۱۷۸
پاسخ‌نامه اصلاح نباتات ۱۸۰
درسنامه مروری اصلاح نباتات ۱۹۶
ژنتیک پیشرفته ۲۰۲
پاسخ‌نامه ژنتیک پیشرفته ۲۰۴
درسنامه مروری ژنتیک پیشرفته ۲۲۷
ژنتیک کمی ۲۲۹
پاسخ‌نامه ژنتیک کمی ۲۳۰
درسنامه مروری ژنتیک کمی ۲۳۶

به‌نژادی گیاهی پیشرفته (اصلاح نباتات تکمیلی) ۲۳۷
پاسخ‌نامه به‌نژادی گیاهی پیشرفته (اصلاح نباتات تکمیلی) ۲۳۹
درسنامه مروری به‌نژادی گیاهی پیشرفته (اصلاح نباتات تکمیلی) ۲۵۱
بیومتری ۲۵۵
پاسخ‌نامه بیومتری ۲۵۷
درسنامه مروری بیومتری ۲۶۶
واژه نامه ۲۶۷
منابع ۲۷۹

جدول ۱. توزیع فراوانی موضوعی سوالات آزمون دکتری ژنتیک و به‌نژادی گیاهی (۱۴۰۰ تا ۱۴۰۵)

حوزه اصلی و مباحث فرعی	۱۴۰۰	۱۴۰۱	۱۴۰۲	۱۴۰۳	۱۴۰۴	۱۴۰۵	مجموع	درصد فراوانی
۱. آمار زیستی و طرح آزمایش‌های کشاورزی	**۱۳**	**۱۳**	**۱۱**	**۱۰**	**۱۰**	**۱۰**	**۶۷**	**۱۳.۱۴٪**
۱.۱ آمار توصیفی، احتمالات، توزیع‌های نظری (نرمال، دوجمله‌ای، پواسون) و قضایای نمونه‌برداری	۵	۶	۶	۴	۵	۵	۳۱	۶.۰۸٪
۱.۲ آزمون‌های فرض پارامتری، مقایسات چندگانه (LSD، توکی، دانت) و رگرسیون مقدماتی	۳	۳	۲	۱	۱	۲	۱۲	۲.۳۵٪
۱.۳ طرح‌های آزمایشی پایه (CRD، RCBD، مربع لاتین) و تفکیک مجموع مربعات	۳	۳	۱	۳	۲	۲	۱۴	۲.۷۵٪
۱.۴ طرح‌های پیشرفته (اسپلیت پلات، آزمایش‌های فاکتوریل، اختلاط و زیرنمونه‌گیری)	۲	۱	۲	۲	۲	۱	۱۰	۱.۹۶٪
۲. ژنتیک پایه و سیتوژنتیک	**۱۴**	**۱۳**	**۱۴**	**۱۰**	**۱۰**	**۱۰**	**۷۱**	**۱۳.۹۲٪**
۲.۱ ژنتیک مندلی، برهم‌کنش آللی، اپیستازی و آزمون‌های پیوستگی و کراسینگ‌اور	۶	۴	۵	۲	۳	۴	۲۴	۴.۷۱٪
۲.۲ سیتوژنتیک، ناهنجاری‌های ساختاری (وارونگی، ترانسلوکاسیون) و تغییرات عددی (پلی‌پلوئیدی، آنوپلوئیدی)	۴	۳	۳	۳	۳	۳	۱۹	۳.۷۳٪
۲.۳ ژنتیک مولکولی کلاسیک، ساختمان اسیدهای نوکلئیک، کدون‌ها، رونویسی، ترجمه و جهش‌ها	۴	۶	۶	۵	۴	۳	۲۸	۵.۴۹٪
۳. اصول و روش‌های اصلاح	**۱۳**	**۱۴**	**۱۵**	**۱۰**	**۱۰**	**۱۰**	**۷۲**	**۱۴.۱۲٪**

حوزه اصلی و مباحث فرعی	۱۴۰۰	۱۴۰۱	۱۴۰۲	۱۴۰۳	۱۴۰۴	۱۴۰۵	مجموع	درصد فراوانی
نباتات								
۳.۱ سیستم‌های گرده‌افشانی، خودناسازگاری، نرعقیمی (CMS/GMS) و اصلاح بذر هیبرید	۴	۵	۴	۲	۲	۳	۲۰	۳.۹۲٪
۳.۲ روش‌های اصلاح گیاهان خودگشن (شجره‌ای، بالک، SSD و دابل‌هاپلوئید)	۵	۴	۴	۳	۴	۳	۲۳	۴.۵۱٪
۳.۳ روش‌های اصلاح گیاهان دگرگشن (گزینش دوره‌ای، ارقام سنتتیک، ارزیابی اینبردها)	۲	۳	۴	۳	۲	۲	۱۶	۳.۱۴٪
۳.۴ اصلاح برای مقاومت به تنش‌های زیستی و غیرزیستی، بانک‌های ژن و به نژادی مشارکتی	۲	۲	۳	۲	۲	۲	۱۳	۲.۵۵٪
۴. ژنتیک پیشرفته و مولکولی گیاهی	۱۰	۱۰	۱۰	۱۰	۱۰	۱۰	۶۰	**۱۱.۷۶٪**
۴.۱ ساختار کروماتین، سازمان ژنوم یوکاریوتی، اپی‌ژنتیک و متیلاسیون	۳	۳	۳	۳	۳	۳	۱۸	۳.۵۳٪
۴.۲ تنظیم بیان ژن، اپرون‌ها، فاکتورهای رونویسی، پیرایش آران‌ای و پردازش پس از رونویسی	۴	۴	۴	۴	۴	۴	۲۴	۴.۷۱٪
۴.۳ عناصر متحرک (ترانسپوزون‌ها)، اندامک‌های سلولی و همانندسازی پیشرفته	۳	۳	۳	۳	۳	۳	۱۸	۳.۵۳٪
۵. ژنتیک کمی و اصلاح نباتات تکمیلی	۱۰	۱۰	۱۰	۱۰	۱۰	۱۰	۶۰	**۱۱.۷۶٪**
۵.۱ ژنتیک جمعیت، تعادل هاردی-واینبرگ، رانش ژنتیکی، درون‌زادآوری و افت همخونی	۴	۴	۴	۳	۴	۴	۲۳	۴.۵۱٪

حوزه اصلی و مباحث فرعی	۱۴۰۰	۱۴۰۱	۱۴۰۲	۱۴۰۳	۱۴۰۴	۱۴۰۵	مجموع	درصد فراوانی
۵.۲ اجزای واریانس فنوتیپی و ژنتیکی، وراثت‌پذیری (عمومی و خصوصی) و پاسخ به گزینش	۴	۳	۳	۴	۳	۳	۲۰	۳.۹۲٪
۵.۳ طرح‌های ژنتیکی (دی‌آلل، NCD، تجزیه میانگین نسل‌ها) و ترکیب‌پذیری (GCA/SCA)	۲	۳	۳	۳	۳	۳	۱۷	۳.۳۳٪
۶. به‌نژادی گیاهی پیشرفته و بیومتری	**۲۰**	**۲۰**	**۱۰**	**۱۰**	**۱۰**	**۱۰**	**۸۰**	**۱۵.۶۹٪**
۶.۱ جبر ماتریسی، مدل‌های رگرسیونی پیشرفته (چندگانه، چندجمله‌ای، ریج) و تجزیه چندمتغیره	۸	۹	۶	۴	۴	۵	۳۶	۷.۰۶٪
۶.۲ برهم‌کنش ژنوتیپ × محیط (G×E)، مدل‌های پایداری (ابرهارت-راسل، AMMI، واریانس شوکلا)	۵	۴	۲	۲	۲	۲	۱۷	۳.۳۳٪
۶.۳ ژنتیک تکمیلی مقاومت، شاخص‌های تحمل به تنش و روش‌های نوین به‌نژادی (Speed Breeding)	۴	۴	۱	۲	۲	۲	۱۵	۲.۹۴٪
۶.۴ نشانگرهای مولکولی، نقشه کاندید ژنی، نقشه‌یابی QTL و نقشه‌یابی ارتباطی (GWAS)	۳	۳	۱	۲	۲	۱	۱۲	۲.۳۵٪
۷. بیوتکنولوژی کشاورزی، کشت بافت و مهندسی ژنتیک	**۰**	**۰**	**۰**	**۴۰**	**۴۰**	**۴۰**	**۱۲۰**	**۲۳.۵۳٪**
۷.۱ کشت بافت گیاهی، تمایززدایی، اندام‌زایی، جنین‌زایی رویشی و تنظیم‌کننده‌های رشد	۰	۰	۰	۱۰	۱۰	۱۰	۳۰	۵.۸۸٪
۷.۲ بیوشیمی پیشرفته، پروتئومیکس و طیف‌سنجی جرمی	۰	۰	۰	۱۰	۱۰	۱۰	۳۰	۵.۸۸٪

حوزه اصلی و مباحث فرعی	۱۴۰۰	۱۴۰۱	۱۴۰۲	۱۴۰۳	۱۴۰۴	۱۴۰۵	مجموع	درصد فراوانی
در گیاهان								
۷.۳ کلونینگ ژن، ناقل‌های همسانه‌سازی، آنزیم‌های برشی، روش‌های انتقال ژن و نشانگرهای انتخابی	۰	۰	۰	۱۰	۱۰	۱۰	۳۰	۵.۸۸٪
۷.۴ فناوری‌های ویرایش ژنوم (CRISPR/Cas)، توالی‌یابی نسل جدید (NGS) و خاموشی ژن	۰	۰	۰	۱۰	۱۰	۱۰	۳۰	۵.۸۸٪
مجموع سوالات سال	**۸۰**	**۸۰**	**۷۰**	**۱۱۰**	**۱۱۰**	**۱۱۰**	**۵۱۰**	**۱۰۰٪**

گزارش تحلیلی و راهبردی برای داوطلبان

۱. تحلیل روندها و تغییرات ساختار آزمون:

- از سال ۱۴۰۳ با تغییر سرفصل‌های مصوب سازمان سنجش، تعداد سوالات آزمون از ۷۰ الی ۸۰ سوال به ۱۱۰ سوال ارتقا یافته و سرفصل جدید «بیوشیمی پیشرفته، کشت سلول و بافت گیاهی، ژنتیک مولکولی و مهندسی ژنتیک» با ۴۰ سوال ثابت (۳۶.۴٪ از کل دفترچه در هر دوره جدید) به مواد امتحانی اضافه شده است.
- در مباحث بیومتری و آمار، طراحان از فرمول‌های طولانی سنتی فاصله گرفته و تمرکز خود را بر حل‌های مفهومی بر مبنای جبر ماتریسی، درک درجات آزادی خطا در طرح‌های ترکیبی (مانند اسپلیت پلات در پایه مربع لاتین) و تفسیر دقیق برهم‌کنش ژنوتیپ در محیط معطوف کرده‌اند.

۲. معرفی مباحث کلیدی و پرسوال:

- **بیوتکنولوژی و مهندسی ژنتیک:** مباحث مربوط به سازوکار ویرایش ژنومی (CRISPR/Cas۹)، ناقل‌های بیانی، اگروباکتریوم و تنظیم‌کننده‌های رشد درون‌شیشه، پرسوال‌ترین بخش سه دوره اخیر هستند.
- **ژنتیک کمی و جمعیت:** فرمول‌های محاسبه هتروزیگوسیتی تحت درون‌زادآوری، اجزای واریانس افزایشی و غالبیت (V_A و V_D) در نسلهای در حال تفکیک (F_2) و روابط والد-فرزندی بالاترین ضریب تکرار را در تمام سال‌ها داشته‌اند.
- **سیتوژنتیک و پیامدهای میوزی:** تحلیل حلقه وارونگی (پاراسنتریک و پل دی‌سنتریک)، عقیمی گیاهان تریپلوئید و مکانیسم‌های مولکولی خودناسازگاری (به‌ویژه تفاوت GSI و SSI) پای ثابت سوالات هستند.

۳. توصیه‌های راهبردی مطالعه:

- بخش بیوتکنولوژی، کشت بافت و مهندسی ژنتیک با ۴۰ سوال اختصاصی بیش از یک‌سوم نمره آزمون را شکل می‌دهد؛ تسلط بر این حوزه اولویت شماره یک برنامه‌ریزی است.
- در مباحث ژنتیک کلاسیک و کمی، تمرکز بر یادگیری میان‌برهای محاسباتی بدون رسم جدول پانت (قاعده ضرب احتمالات برای چندلوکوسی‌ها و روابط مستقیم رگرسیون بر میانگین والدین) موجب صرفه‌جویی اساسی در زمان دفترچه خواهد شد.

مقدمه تحلیلی بر روند ۶ ساله آزمون‌های دکترای تخصصی ژنتیک و به‌نژادی گیاهی (اصلاح نباتات)

تحلیل موشکافانه پرسش‌های آزمون ورودی دوره دکتری نیمه‌متمرکز رشته ژنتیک و به‌نژادی گیاهی در بازه زمانی سال‌های ۱۴۰۰ تا ۱۴۰۵ نشان می‌دهد که این آزمون از یک ساختار سنتی مبتنی بر محفوظات محض به آزمونی عمیق، چندبُعدی و استدلال‌محور ارتقا یافته است. درک سیر تحول رویکرد طراحان، توزیع فراوانی موضوعات و مدل‌های فکری حاکم بر آزمون، به داوطلب دیدگاهی استراتژیک می‌بخشد تا از یادگیری خطی فراتر رفته و اولویت‌های مطالعاتی خود را بر مبنای منطق حاکم بر پرسش‌ها سامان‌دهی کند.

۱. چرخش ساختاری و کلان آزمون (نقطه عطف ۱۴۰۳)

تحلیل دفترچه‌های کنکور در این دوره شش ساله، دو برهه زمانی متمایز را آشکار می‌سازد:

- **دوره نخست (۱۴۰۰ تا ۱۴۰۲):** آزمون شامل یک دفترچه تخصصی متمرکز (با تعداد ۷۰ الی ۸۰ سؤال) بود که سرفصل‌های کلاسیک شامل «آمار و طرح آزمایش‌ها»، «ژنتیک پایه و سیتوژنتیک»، «اصلاح نباتات»، «ژنتیک پیشرفته»، «ژنتیک کمی» و «بیومتری» را پوشش می‌داد.

- **دوره دوم (۱۴۰۳ تا ۱۴۰۵):** با تجمیع گرایش‌ها و تغییر سرفصل‌های رسمی سازمان سنجش، ساختار آزمون به ۱۱۰ سؤال ارتقا یافت. بزرگ‌ترین دگرگونی، اضافه شدن یک بلوک ۴۰ سؤالی تحت عنوان **«بیوشیمی پیشرفته، کشت سلول و بافت گیاهی، ژنتیک مولکولی و مهندسی ژنتیک»** بود. این تغییر بدان معناست که از سال ۱۴۰۳ به بعد، بیش از ٪۳۶ نمره تخصصی دفترچه منحصراً به ابزارهای زیست‌فناوری و زیست‌شناسی سلولی-مولکولی اختصاص یافته است.

۲. مباحث با بسامد دائمی و پایدار (ستون فقرات آزمون)

صرف‌نظر از تحولات سرفصلی، مجموعه‌ای از مباحث در تمامی این شش سال وزن بالای خود را حفظ کرده‌اند:

- **ژنتیک کمی و خویشاوندان:** برآورد اجزای واریانس فنوتیپی و ژنتیکی (V_A و V_D) در نسل‌های تفکیک‌یافته (F_2)، روابط کوواریانس میان خویشاوندان تنی (Full-sib) و ناتنی (Half-sib)، و برآورد وراثت‌پذیری اختصاصی (h^2) از طریق رگرسیون فرزندان بر میانگین والدین پای ثابت سؤالات محاسباتی بوده‌اند.

- **ژنتیک جمعیت و ساختار درون‌زادآوری:** محاسبه فراوانی آللی و ژنوتیپی تحت مدل تعادل هاردی-واینبرگ، سنجش افت هتروزیگوسیتی تحت درون‌زادآوری (F)، و اندازه مؤثر جمعیت (N_e) پیوسته تکرار شده‌اند.

- **سیتوژنتیک میوزی و ناهنجاری‌های کروموزومی:** نحوه سیناپس و پیامدهای میوزی کراسینگ‌اور در حلقه وارونگی پاراسنتریک (تشکیل پل دی‌سنتریک و قطعه فاقد سانترومر) در برابر وارونگی پری‌سنتریک، و بررسی عقیمی ناشی از عدم تعادل میوزی در اتوتریپلوئیدها همواره کانون پرسش‌های مفهومی سیتوژنتیک بوده‌اند.

- **روش‌های اصلاح گیاهان خودگشن و دگرگشن:** تفکیک فاز آغاز گزینش در متدهای شجره‌ای (F_2)، بالک و نزول تک‌بذر (SSD)، در کنار سیستم‌های تولید بذر هیبرید و ارقام سنتتیک در گیاهانی چون ذرت، آفتابگردان و یونجه، بسامدی بی‌وقفه داشته‌اند.

۳. تغییر جهت طراحان از فرمول‌های بسته به سناریوهای کاربردی و روش‌شناختی

بررسی روند تاریخی سؤالات، تحولات مفهومی و متدولوژیک زیر را نشان می‌دهد:

- **گذار از محاسبات سنگین به استدلال ماتریسی و بیومتریک:** در مباحث آمار و بیومتری، پرسش‌ها از محاسبات طولانی جداول تجزیه واریانس سنتی فاصله گرفته و به سمت درک هندسه رگرسیون، ماتریس‌های طرح ($X'X$) , واریانس ترکیب خطی متغیرها، خطاهای مقایسات چندگانه (موازنه خطای نوع اول و دوم میان LSD و توکی) و تحلیل درجه آزادی خطاهای آزمایشی و فرعی در طرح‌های مرکب (نظیر اسپلیت‌پلات در پایه مربع لاتین) متمایل شده‌اند.

- **تمرکز بر به‌نژادی نوین (Speed Breeding و گزینش به کمک نشانگر)**: در سال‌های اخیر واژه‌ها و تکنیک‌هایی همچون «به‌نژادی سرعتی» (تسریع نسل از طریق فتوپریود و نور مداوم)، نقشه‌یابی ارتباطی (GWAS بر پایه عدم تعادل لینکاژی/LD) و لاین‌های نوترکیب اینبرد (RIL) جایگاه ویژه‌ای یافته‌اند.

- **سیطره ابزارهای ویرایش ژنوم و ژنومیک**: در بخش بیوتکنولوژی (از ۱۴۰۳ به بعد)، تمرکز گسترده‌ای روی فناوری‌های کریسپر (CRISPR/Cas۹)، طراحی gRNA، مهار آف-تارگت، توالی‌یابی نسل جدید (NGS)، ناقل‌های کلونینگ طلایی (Golden Gate)، اگروباکتریوم و سیستم‌های کشت درون‌شیشه‌ای جهت تولید متابولیت‌های ثانویه پدیدار شده است.

۴. دانشمندان، نظریه‌پردازان و مکاتب فکری پربسامد در سؤالات

سؤالات آزمون دکتری به‌طور مستقیم و غیرمستقیم بازتابنده مدل‌های کلاسیک ارائه‌شده توسط شخصیت‌های برجسته تاریخ ژنتیک و آمار زیستی است:

- **داگلاس فالکونر (D.S. Falconer)**: ساختار نظری ژنتیک کمی، تعریف ارزش اصلاحی (A)، وراثت‌پذیری در خویشاوندان و برآورد پاسخ به گزینش ($R = h^2 S$) همگی مستقیماً بر مبنای کتاب مرجع فالکونر تدوین می‌شوند.

- **کنت ماتر و جان جینکز (Jinks & Mather)**: تجزیه میانگین نسل‌ها بر پایه پارامترهای بیومتریک (m, a, d)، اجزای واریانس نسل‌های دوم و بک‌کراس‌ها و ماتریس‌های همبستگی صفات.

- **سیوال رایت (Sewall Wright)**: محاسبات مربوط به ضریب درون‌زادآوری (F) ، شاخص تثبیت و اثر رانش ژنتیکی بر افت هتروزیگوسیتی در جمعیت‌های تفکیک‌شده.

- **ارلبرت لرنر (I.M. Lerner)**: مفهوم «هومئوستازی ژنتیکی و تکاملی» که اثبات می‌کند افراد هتروزیگوت دارای بافرینگ بالاتری در برابر نوسانات محیطی نسبت به والدین هموزیگوت بوده و واریانس محیطی کمتری در هیبریدهای نسل اول نسبت به لاین‌های اینبرد بروز می‌دهند.

- **هارولد فلور (H.H. Flor)**: «نظریه ژن در برابر ژن» (Gene-for-gene hypothesis) در تعامل گیاه و پاتوژن و سازوکار واکنش فوق‌حساسیت (HR).

- **سیستم نام‌گذاری اف. وی. اوون (F.V. Owen)**: نام‌گذاری اختصاصی لاین‌های نگهدارنده نره‌عقیمی در چغندرقند موسوم به O-type.

- **ابرهارت و راسل (Russell & Eberhart)**: سنجش پارامترهای پایداری ژنوتیپ‌ها (b_i و δ^2_{di}) بر روی شاخص محیطی.

جمع‌بندی و نقشه راه مطالعاتی داوطلب

تحلیل این روند ۶ ساله روشن می‌سازد که داوطلب موفق نباید وقت خود را صرف حفظ فرمول‌های مجزای بدون کاربرد کند. مطالعه کارآمد مستلزم:

۱. **ایجاد یکپارچگی میان مفاهیم بیومتری و ژنتیک کمی** (پیوند زدن تجزیه واریانس با اجزای ژنتیکی V_A و V_D)،

۲. **تسلط بر میان‌برهای احتمالات ژنتیکی** (بدون رسم جداول طولانی پانت)،

۳. **اختصاص وزن ویژه مطالعاتی به سرفصل‌های بیوتکنولوژی، مهندسی ژنتیک و کشت بافت گیاهی** است تا بیشترین بهره‌وری در مدیریت زمان و کسب تراز برتر حاصل گردد.

پیش‌گفتار مولفان: نقشه راه جامع، روش‌شناسی و کالبدشکافی تحلیلی آزمون‌های دکترای تخصصی ژنتیک و به‌نژادی گیاهی

جهان معاصر، عصر همگرایی دانش‌های بنیادین و فناوری‌های تحول‌آفرین زیستی است؛ عرصه‌ای که در آن علوم زیستی با تکیه بر تحلیل‌های دقیق ریاضی، مدل‌سازی‌های بیومتریک و مهندسی دقیق ژنوم، مرزهای پیشین تولید غذا و امنیت زیستی را درنوردیده‌اند. رشته «ژنتیک و به‌نژادی گیاهی» (اصلاح نباتات سابق) به‌عنوان ستون فقرات علوم زراعی و امنیت غذایی، در آزمون‌های ورود به دوره دکترای تخصصی (Ph.D) دانشگاه‌ها و موسسات آموزش عالی کشور، دستخوش دگرگونی‌های ساختاری و مفهومی عمیقی شده است. اثر پیش‌رو، برآمده از نیازی مبرم، دیرین و بنیادین در جامعه علمی و دانشگاهی کشور است؛ اثری که می‌کوشد نه‌تنها به گردآوری پرسش‌ها بپردازد، بلکه ساختار ذهنی، الگوهای فکری و خط‌مشی تحلیلی طراحان سوالات سازمان سنجش آموزش کشور را با استانداردهای مرجع بین‌المللی کالبدشکافی نماید.

۱. بستر پیدایش، فلسفه تالیف و متدولوژی تدوین اثر آزمون دکترای تخصصی، آزمون ارزیابی حافظه کوتاه‌مدت یا سنجش انباشت محفوظات نیست؛ بلکه آوردگاه تمیز قدرت استدلال، تسلط بر مدل‌های ریاضی و درک چندبعدی از پدیده‌های زیستی در سطح سلولی، گیاهی و جمعیتی است. در سال‌های متمادی، داوطلبان این مقطع سرنوشت‌ساز با دو چالش اساسی دست‌به‌گریبان بوده‌اند: نخست، فقدان پاسخ‌های تشریحی مستدل، برهانی و ارجاع‌پذیر به کتب مرجع دانشگاهی، و دوم، گسستگی میان مباحث کلاسیک زراعی با مرزهای دانش ژنومیک و بیوتکنولوژی مدرن. گروه مولفین پردازش با درک عمیق این خلاء علمی، بر آن شد تا مجموعه‌ای بی‌بدیل، یکپارچه و ساختاریافته را تدوین نماید. روش‌شناسی به‌کاررفته در نگارش این کتاب مبتنی بر «مهندسی معکوس و تحلیل محتوای سلسله‌مراتبی» است؛ بدین معنا که تک‌تک سوالات آزمون‌های سراسری دوره‌های اخیر، ابتدا در ماتریس‌های موضوعی استاندارد طبقه‌بندی شدند، سپس بر مبنای سرفصل‌های مصوب شورای عالی برنامه‌ریزی وزارت علوم، تحقیقات و فناوری و با بازخوانی معتبرترین مراجع جهانی نظیر آثار فالکونر، ماتر و جینگز، لنینجر، رازدان، فیر و فلور مورد بازبینی دقیق قرار گرفتند.

۲. کالبدشکافی محتوایی و اجزای ساختاری کتاب این مجموعه به گونه‌ای معماری شده است که داوطلب را از سطح یک خواننده منفعل به یک پژوهشگر و تحلیل‌گر ارتقا دهد. کتاب حاضر از بخش‌های هم‌افزا و هماهنگ زیر تشکیل شده است:

- **ماتریس و جدول توزیع فراوانی موضوعی شش‌ساله (۱۴۰۰ تا ۱۴۰۵):** در طلیعه اثر، جدول ماتریسی دقیقی مشتمل بر ۵۱۰ سوال تحلیل‌شده در قالب ۸ حوزه اصلی و ۲۹ زیرمبحث تخصصی ترسیم شده است. این جدول، قطب‌نمای حرکت داوطلب است که سهم درصدی هر مبحث را با تقریب دو رقم اعشار نمایان ساخته و ضریب اهمیت موضوعات را در برنامه‌ریزی مطالعاتی مشخص می‌کند.

- **مقدمه تحلیلی و تبارشناسی دیدگاه‌های حاکم بر آزمون:** در فصلی مجزا، روند شش‌ساله آزمون‌ها تحلیل شده است؛ چرخش پارادایم طراحان، ظهور سرفصل‌های نوظهور، جایگاه دانشمندان صاحب‌مکتب نظیر رایت، فیشر و لرنر و الگوهای تکرارشونده سوالات به تفصیل تشریح شده‌اند.

- **دفترچه‌های کامل آزمون به تفکیک دروس و سال‌ها:** متن کامل سوالات دوره‌های گذشته، عاری از هرگونه تلخیص یا اعمال سلیقه، با حفظ اصالت صورت سوالات سنجش ارائه شده است تا شبیه‌سازی فضای واقعی آزمون میسر گردد.

- **پاسخ‌نامه‌های فوق‌تشریحی، برهانی و چندوجهی:** قلب تپنده این کتاب، پاسخ‌نامه‌های آن است. در نگارش هر پاسخ، ساختاری چهارگانه و منحصربه‌فرد رعایت شده است:

۱. *موضوع سوال و تبیین قلمرو دانشی:* جایگاه مبحث در ساختار کلی ژنتیک، آمار، اصلاح یا بیوتکنولوژی معرفی می‌شود.

۲. *کالبدشکافی تحلیلی، اثبات ریاضی و مبانی فیزیولوژیک:* از بدیهی‌ترین اصول تا پیچیده‌ترین روابط جبری، محاسبات گام‌به‌گام ارائه شده و علل بیولوژیکی پدیده‌ها در سطح سلول یا مزرعه واکاوی می‌شوند.

۳. *تحلیل انتقادی گزینه‌ها و دام‌های تستی طراح:* نه‌تنها چرایی درستی گزینه هدف اثبات می‌گردد، بلکه گزاره‌های نادرست و تله‌های مفهومی، کلامی یا محاسباتی طراحان به دقت رمزگشایی می‌شوند.

٤. *میان‌برهای حل سرعتی و الگوریتم‌های چشمی:* تکنیک‌های مدیریت زمان در جلسه آزمون، اعم از فنون رد گزینه در کمتر از ۱۰ ثانیه، قانون ضرب احتمالات بدون رسم جدول پانت و یادسپارهای مفهومی در اختیار مخاطب قرار می‌گیرد.

- **درسنامه‌های مروری، نمودارهای تلخیصی و شاه‌کلیدهای شب امتحان:** در انتهای هر درس، چکیده‌ای منسجم از فرمول‌های طلایی، روابط اجزای واریانس، جداول مقایسه‌ای متدولوژی‌های اصلاحی و قواعد بیومولکولی گنجانده شده است تا فرآیند جمع‌بندی نهایی در کمترین زمان با بالاترین بازدهی صورت پذیرد.

- **واژه‌نامه تخصصی و دانشنامه‌ای (فارسی به انگلیسی و بالعکس):** صدها اصطلاح و نماد استاندارد جهانی همراه با تعاریف دقیق و کارکرد آنها در به‌نژادی، در بخش‌های پایانی کتاب مدون شده است تا تسلط واژگانی و توانایی درک متون تخصصی داوطلبان تثبیت گردد.

۳. سیر تحول دروس و پیامدهای راهبردی آزمون بررسی داده‌های مستخرج از فایل‌های آزمون نشان می‌دهد که کنکور دکتری ژنتیک و به‌نژادی از سال ۱۴۰۳ با یک نقطه عطف تاریخی روبرو شده است. ارتقای تعداد پرسش‌ها از ۷۰ الی ۸۰ سوال به ۱۱۰ سوال و ورود مقتدرانه سرفصل «بیوتکنولوژی کشاورزی، کشت سلول و بافت گیاهی، ژنتیک مولکولی و مهندسی ژنتیک» با ۴۰ سوال مستقیم (معادل ٪۲۳٫۵۳ از کل آزمون‌های شش سال و بیش از ٪۳۶ از سوالات دوره‌های جدید)، نشان از تحول پارادایم آزمون دارد. افزون بر این، در دروس آمار و بیومتری، پرسش‌ها از محاسبات سنتی به سمت تحلیل‌های ماتریسی، تفکیک اجزای خطا در طرح‌های ترکیبی (نظیر اسپلیت‌پلات در پایه مربع لاتین) و تفسیر برهم‌کنش ژنوتیپ در محیط میل کرده است. در ژنتیک کمی نیز، واریانس‌های افزایشی و غالبیت، مدل‌های کوواریانس خویشاوندان و پیش‌بینی پاسخ به گزینش، سهمی پایدار و سرنوشت‌ساز یافته‌اند.

۴. شیوه بهره‌برداری بهینه از کتاب برای مخاطبان برای کسب حداکثر بازدهی از این مرجع جامع، به داوطلبان گرامی، دانشجویان تحصیلات تکمیلی و پژوهشگران حوزه به‌نژادی گیاهی پیشنهاد می‌شود روند زیر را در دستور کار قرار دهند:

۱. ابتدا با مطالعه جدول توزیع فراوانی موضوعی و مقدمه تحلیلی، وزن واقعی هر درس را در ذهن خود بازتعریف نمایید و سرفصل‌های پرتکرار را در صدر تقویم مطالعاتی بنشانید.

۲. پیش از مراجعه به پاسخ تشریحی هر سوال، خود را در موقعیت جلسه آزمون قرار داده و اقدام به حل مسئله نمایید؛ سپس در صورت بروز ابهام یا خطا، بخش «کالبدشکافی تحلیلی» و «تله طراح» را با دقت کنکاش کنید.

۳. میان‌برهای محاسباتی ارائه‌شده در بخش راه حل تستی را به صورت تمرین‌های مستقل روی کاغذ بیاورید تا مهارت حل ذهنی در مباحث ژنتیک کمی، احتمالات و جبر ماتریسی در شما نهادینه شود.

٤. در فواصل مرور و روزهای منتهی به آزمون، بر درسنامه‌های تلخیصی و واژه‌نامه‌های اصطلاحات تمرکز کنید تا زنجیره ارتباطی مفاهیم در حافظه بلندمدت پایدار بماند.

امید واثق داریم که این مجموعه گران‌سنگ، نقش شایسته خود را به‌عنوان راهنمایی امین، علمی، جامع و انگیزه‌بخش برای فرزندان برومند و پژوهشگران متعهد ایران‌زمین ایفا نماید و گامی استوار در ارتقای سطح علمی جامعه کشاورزی و بیوتکنولوژی کشور به شمار آید. توفیق همگان را در مسیر ناهموار اما پرشکوه کسب دانش و اعتلای نام میهن عزیزمان از درگاه ایزد دانا خواهانیم.

گروه مولفین پردازش

۱۱- **در کدام‌یک از تغییرات کروموزومی طی انجام تقسیم میوز، قطعه کروموزومی بدون سانترومر به‌وجود می‌آید؟**

۱) جابه‌جایی متقابل ۲) حذف ۳) وارونگی پری‌سنتریک ۴) وارونگی پاراسنتریک

۱۲- **کدام مورد، جزو مزایای اصلاحی اتوتریپلوئیدها نیست؟**

۱) تولید بذر فراوان ۲) تنوع ژنتیکی بیشتر

۳) تولید اندام ذخیره‌ای درشت‌تر ۴) ماندگاری بیشتر گل در گیاهان تزئینی

۱۳- **اگر ۱۰۰ سلول با ژنوتیپ AaBb وارد چرخه مینور شوند و فاصله دو ژن بر روی کروموزوم برابر ۲۰ سانتی‌مورگان باشد، با آرایش cis و یا ترانس در انتها چه تعداد از گامت‌ها، به‌ترتیب، دارای ژنوتیپ AB می‌شوند؟**

۱) ۱۶۰ و ۴۰ ۲) ۱۲۰ و ۸۰

۳) ۱۰۰ و ۱۰۰ ۴) ۸۰ و ۱۲۰

۱۴- **گیاهی با ژنوتیپ «AaBbDd»، چند نوع گامت تولید می‌کند و درصورت خودگشنی این گیاه و وجود غلبه ناقص و کشندگی مغلوب خالص در یک ژن و غلبه ناقص در یکی دیگر از ژن‌ها، به‌ترتیب، چند نوع فنوتیپ و ژنوتیپ حاصل می‌شود؟**

۱) ۸، ۱۲ و ۱۲ ۲) ۸، ۱۸ و ۱۲

۳) ۸، ۱۲ و ۱۸ ۴) ۸، ۸ و ۲۷

۱۵- **کدام مرحله تقسیم سلولی، جهت تهیه کاریوتیپ مناسب‌تر است؟**

۱) آنافاز میتوز ۲) پروفاز میتوز ۳) تلوفاز میتوز ۴) متافاز میتوز

۱۶- **اگر فراوانی یک عارضه اتوزومی و نهفته ژنتیکی در یک جمعیت مندلی در حال تعادل ۰/۰۰۰۴ باشد، فراوانی آلل غالب و فراوانی هتروزیگوت‌ها به‌ترتیب کدام است؟**

۱) ۰/۰۲ و ۰/۰۳۹۲ ۲) ۰/۹۸ و ۰/۰۳۹۲

۳) ۰/۹۸ و ۰/۹۲۰۴ ۴) ۰/۰۲ و ۰/۹۲۰۴

۱۷- **زیرواحد کوچک روبیسکو، به‌ترتیب، از کدام ژنوم تولید می‌شود و در کدام قسمت کلروپلاست مستقر می‌شود؟**

۱) کلروپلاست ـ استروما ۲) هسته ـ استروما

۳) هسته ـ تیلاکوئید ۴) کلروپلاست ـ تیلاکوئید

۱۸- **درصورتی‌که نقشه طولی یک ژن از نظر محل اینترون (In) و اگزون (Ex) به مقیاس جفت‌باز مشخص باشد، در فرایند ترجمه، پروتئین چند آمینو اسیدی قابل تولید است؟**

Ex	In	Ex	In	Ex
۱۴۴۰bp	۹۶۰bp	۱۶۲۹bp	۷۲۰bp	۱۱۱۳bp

۱) ۴۱۸۲ ۲) ۱۹۵۴

۳) ۱۳۹۴ ۴) ۵۶۰

۱۹- **اگر توالی «TGT» در رشته Coding در نوکلئیک اسید یک سلول به «TGA» جهش یابد، کدام جهش رخ داده است؟**

۱) Mis-sense ۲) Non-sense ۳) Silentmutation ۴) Transition

۲۰- **چند کدون از کدون‌های ژنتیکی موجودات، فاقد نوکلئوتید سیتوزین هستند؟**

۱) ۳۷ ۲) ۳۲ ۳) ۲۷ ۴) ۹

۱۱. گزینه ۴)

موضوع سوال: این سؤال در قلمرو «سیتوژنتیک گیاهی» و مبحث «ناهنجاری‌های ساختاری کروموزوم‌ها (Chromosomal Aberrations)» قرار دارد. تمرکز سؤال بر رفتار میوز کروموزوم‌های هتروزیگوت حامل وارونگی (Inversion Heterozygotes) و پیامدهای ناشی از وقوع کراسینگ‌اور (Crossing Over) درون حلقه وارونگی است. گزینه صحیح به دقت مکانیسم ایجاد پل دی‌سنتریک (Dicentric Bridge) و قطعه بدون سانترومر (Acentric Fragment) را در تقسیم میوز یک تشریح می‌کند.

تحلیل مکانیسم ایجاد قطعه بدون سانترومر: وارونگی پاراسنتریک (Paracentric Inversion) نوعی تغییر ساختاری است که در آن قطعه‌ای از کروموزوم با زاویه ۱۸۰ درجه چرخیده و مجدداً متصل می‌شود، بدون آنکه ناحیه سانترومر را در بر بگیرد (وارونگی صرفاً در یک بازوی کروموزومی رخ می‌دهد). زمانی که یک گیاه از نظر این دگرگونی ساختاری به صورت هتروزیگوت (دارای یک کروموزوم طبیعی و یک کروموزوم دچار وارونگی) باشد، در مرحله پاکیتن (Pachytene) از پروفاز میوز یک، به منظور جفت‌شدن دقیق و هم‌ردیف شدن ژن‌های متناظر (سیناپس کامل)، ساختاری به نام «حلقه وارونگی (Inversion Loop)» تشکیل می‌شود. چنانچه طی این مرحله، یک کراسینگ‌اور منفرد (Single Crossover) بین دو کروماتید غیرخواهری درون ناحیه حلقه وارونگی اتفاق بیفتد، تبادل نامتقارن قطعات کروموزومی نسبت به موقعیت سانترومر رخ می‌دهد. در نتیجه تفکیک کروماتیدها در آنافاز میوز یک (Anaphase I)، چهار نوع کروماتید با سرنوشت‌های متفاوت حاصل می‌شود:

۱. یک کروماتید طبیعی و بدون نوترکیبی (دارای یک سانترومر و با قابلیت حیات و باروری کامل).

۲. یک کروماتید دارای وارونگی و بدون نوترکیبی (دارای یک سانترومر و با قابلیت حیات و باروری کامل).

۳. یک کروماتید نوترکیب که دارای دو سانترومر است و تحت عنوان **کروماتید دی‌سنتریک (Dicentric Chromatid)** شناخته می‌شود. این کروماتید در آنافاز یک به سمت دو قطب مخالف سلول کشیده شده و ساختار «پل آنافازی (Anaphase Bridge)» را می‌سازد که در نهایت بر اثر تنش مکانیکی از نقطه‌ای تصادفی شکسته می‌شود.

۴. یک کروماتید نوترکیب که کاملاً فاقد سانترومر است و تحت عنوان **قطعه بدون سانترومر یا اسی‌سنتریک (Acentric Fragment)** نامیده می‌شود. این قطعه به دلیل فقدان سانترومر و عدم امکان اتصال به رشته‌های دوک تقسیم (Spindle Fibers)، قادر به حرکت به سمت قطبین سلول نبوده، در سیتوپلاسم رها شده و در نهایت طی تشکیل هسته‌های جدید تخریب می‌گردد. بنابراین، وارونگی پاراسنتریک تنها دگرگونی ساختاری در بین گزینه‌هاست که کراسینگ‌اور درون حلقه آن منجر به تولید مستقیم قطعه بدون سانترومر می‌شود.

بررسی سایر گزینه ها:

گزینه ۱ (جابه‌جایی متقابل - Reciprocal Translocation): در هتروزیگوت‌های جابه‌جایی متقابل، به دلیل تبادل قطعات بین دو کروموزوم غیرهمتا، در مرحله پاکیتن ساختار متقاطع یا چهارظرفیتی (Tetravalent/Quadrivalent) تشکیل می‌شود. تفکیک این کروموزوم‌ها در آنافاز یک به سه صورت مجاور یک (۱-Adjacent)، مجاور دو (۲-Adjacent) و متناوب (Alternate) صورت می‌گیرد که منجر به تولید گامت‌های متوازن (در تفکیک متناوب) یا نامتوازن و دارای کمبود/افزایش (Duplication/Deficiency) می‌گردد؛ اما هیچ‌گاه قطعه بدون سانترومر یا پل دی‌سنتریک در اثر مکانیسم تفکیک یا کراسینگ‌اور عادی در این ساختار ایجاد نمی‌شود.

گزینه ۲ (حذف - Deletion): در هتروزیگوت‌های حذف (کمبود)، برای جفت‌شدن کروموزوم طبیعی با کروموزوم دچار کمبود در مرحله پاکیتن، یک «حلقه حذف (Deficiency Loop)» در کروموزوم طبیعی ایجاد می‌شود. وقوع کراسینگ‌اور درون این حلقه یا نواحی دیگر، کروماتیدهایی با کمبود ژنتیکی تولید می‌کند، اما به هیچ وجه منجر به تشکیل قطعه فاقد سانترومر طی فرآیند میوز نمی‌گردد.

گزینه ۳ (وارونگی پری‌سنتریک - Pericentric Inversion): در این نوع وارونگی، سانترومر درون قطعه وارونه‌شده قرار دارد. هنگام تشکیل حلقه وارونگی در هتروزیگوت‌ها و وقوع کراسینگ‌اور منفرد درون حلقه، کروماتیدهای نوترکیب حاصل هرکدام دارای مضاعف‌شدگی و کمبود (Duplication and Deletion) در بازوهای کروموزومی خواهند بود؛ اما از آنجا که سانترومر در

ناحیه تبادل قرار دارد، هر دو کروماتید نوترکیب حاصل دارای **دقیقاً یک سانترومر (Monocentric)** هستند. لذا در وارونگی پری‌سنتریک بر خلاف نوع پاراسنتریک، نه پل دی‌سنتریک تشکیل می‌شود و نه قطعه بدون سانترومر.

کاربردها و پیامدهای اصلاحی وارونگی‌ها (تظاهر به سرکوب کراسینگ‌اور): در به‌نژادی گیاهی، وارونگی‌ها اغلب به عنوان «سرکوب‌کننده‌های کراسینگ‌اور (Crossover Suppressors)» یا «بالانس‌کننده‌ها (Balancer Chromosomes)» شناخته می‌شوند. دلیل این نام‌گذاری، عدم وقوع نوترکیبی نیست؛ بلکه به این دلیل است که گامت‌های حامل کروماتیدهای نوترکیب (به دلیل کمبودهای شدید ژنتیکی ناشی از شکست پل دی‌سنتریک و از دست رفتن قطعه بدون سانترومر در نوع پاراسنتریک، و یا کمبود و مضاعف‌شدگی بازوها در نوع پری‌سنتریک) غیرفعال و عقیم (Sterile) می‌شوند و در نتیجه، تنها نتاج حاصل از گامت‌های غیرنوترکیب (والدینی) زنده می‌مانند. این پدیده در حفظ ترکیب‌های ژنی مطلوب (Supergenes) و جلوگیری از متلاشی شدن بلوک‌های ژنی سازگار در برنامه‌های اصلاحی کاربرد فراوان دارد.

ویژگی / پیامد ژنتیکی	وارونگی پاراسنتریک (Paracentric)	وارونگی پری‌سنتریک (Pericentric)
موقعیت سانترومر	خارج از ناحیه وارونه‌شده (در یک بازو)	درون ناحیه وارونه‌شده (شامل هر دو بازو)
تغییر نسبت بازوها ($\frac{q}{p}$)	بدون تغییر	ممکن است تغییر کند
محصولات کراسینگ‌اور درون حلقه	یک کروماتید دی‌سنتریک + یک قطعه بدون سانترومر	دو کروماتید مونوسنتریک (دارای کمبود و مضاعف‌شدگی)
تشکیل پل آنافازی در میوز یک	دارد (پل دی‌سنتریک)	ندارد
سرنوشت کروماتیدهای نوترکیب	حذف قطعه بدون سانترومر و شکستگی پل دی‌سنتریک	کاهش شایستگی و عقیمی به دلیل کمبود ژنتیکی

راه حل تستی: برای پاسخ‌گویی سریع به سؤالات وارونگی در آزمون‌های تحصیلات تکمیلی، از تحلیل ریشه واژگان استفاده کنید: پیشوند **Para (پارا)** به معنای «کنار یا خارج» است ← وارونگی در کنار سانترومر (بدون درگیر کردن آن) ← تبادل نامتقارن سانترومرها طی کراسینگ‌اور ← تولید **۲ سانترومر (دی‌سنتریک)** و **۰ سانترومر (بدون سانترومر)**. در مقابل، پیشوند **Peri (پری)** به معنای «پیرامون یا محیط» است ← وارونگی پیرامون سانترومر (شامل سانترومر) ← تبادل متقارن سانترومرها ← هر کروماتید دقیقاً دارای **۱ سانترومر (مونوسنتریک)**. بنابراین، به محض مشاهده عبارت «بدون سانترومر» یا «پل دی‌سنتریک» در صورت سؤال، گزینه «پاراسنتریک» پاسخ صحیح است.

۱۲. گزینه ۱)

موضوع سوال: این سؤال در قلمرو «سیتوژنتیک گیاهی» و مبحث «پلی‌پلوئیدی و کاربردهای آن در اصلاح نباتات (Polyploidy in Plant Breeding)» قرار دارد. تمرکز سؤال بر ویژگی‌های بیولوژیک، رفتار میوزی و پیامدهای فنوتیپی گیاهان اتوتریپلوئید (Autotriploid: $۳n = ۳x$) است. گزینه صحیح بر اساس پدیده «عقیمی میوزی (Meiotic Sterility)» و ناتوانی این گیاهان در تولید گامت‌های متوازن و بذر نرمال انتخاب شده است.

تحلیل مکانیسم عقیمی میوزی در اتوتریپلوئیدها: گیاهان اتوتریپلوئید دارای سه مجموعه کروموزومی همتا (Homologous) و مشابه در سلول‌های خود هستند ($۳x$). در مرحله پروفاز (پاکیتن) میوز یک، از آنجا که در هر جایگاه کروموزومی سه کروموزوم همتا وجود دارد، مکانیسم سیناپس با چالش مواجه می‌شود؛ زیرا در هر ناحیه مشخص، تنها دو کروموزوم

می‌توانند با یکدیگر جفت شوند. این وضعیت به تشکیل آرایش‌های کروموزومی سه‌ظرفیتی (Trivalent)، دوظرفیتی به همراه تک‌ظرفیتی (Bivalent + Univalent)، یا سه تک‌ظرفیتی در متافاز میوز یک منجر می‌گردد. هنگام تفکیک کروموزوم‌ها در آنافاز یک، توزیع سه کروموزوم به دو قطب سلول به صورت نامتقارن و تصادفی (به صورت ۲ به ۱) انجام می‌شود. برای گیاهی با عدد پایه کروموزومی x، احتمال اینکه یک گامت تمام x کروموزوم اضافه را دریافت کند یا هیچ‌کدام را دریافت نکند (تولید گامت‌های متوازن هاپلوئید $n = x$ یا دیپلوئید $n = ۲x$) از نظر ریاضی برابر با $\left(\frac{۱}{۲}\right)^{x-۱}$ است. در نتیجه، اکثریت مطلق گامت‌های تولیدشده به شدت **آنوپلوئید (Aneuploid)** و نامتوازن خواهند بود. این گامت‌های نامتوازن یا قابلیت حیات ندارند، یا پس از لقاح به سقط جنین و عدم رشد آندوسپرم می‌انجامد. بنابراین، **عقیمی شدید و عدم تولید بذر (بذرنزدن یا Seedlessness)** بارزترین ویژگی اتوتریپلوئیدها است و «تولید بذر فراوان» به هیچ وجه جزو مزایای آن‌ها محسوب نمی‌شود.

بررسی سایر گزینه ها

گزینه ۲ (تنوع ژنتیکی بیشتر): به دلیل وجود سه آلل در هر جایگاه ژنی (به جای دو آلل در دیپلوئیدها)، تعداد ژنوتیپ‌های ممکن برای هر ژن افزایش می‌یابد (برای مثال، ۴ وضعیت ژنوتیپی برای دو آلل: AAA, AAa, Aaa, aaa). این امر تنوع فنوتیپی و ژنتیکی بیشتری را در جوامع پلی‌پلوئید ایجاد کرده و اثرات هتروزیس (Heterosis) یا فوق‌غالبیت را به دلیل تنوع آللی بالاتر، تقویت و پایدارتر می‌کند.

گزینه ۳ (تولید اندام ذخیره‌ای درشت‌تر): یکی از پیامدهای عمومی افزایش سطح پلوئیدی، پدیده «گیگاس (Gigas Effect)» است که به موجب افزایش حجم سلول‌ها (برای گنجاندن محتوای DNA بیشتر)، رشد رویشی تشدید شده و اندام‌هایی مانند برگ‌ها، ساقه‌ها، غده‌ها و ریشه‌های ذخیره‌ای درشت‌تر و حجیم‌تر می‌شوند. این ویژگی در اصلاح محصولات غده‌ای و ریشه‌ای (مانند چغندرقند و سیب‌زمینی) یک مزیت بزرگ اقتصادی است.

گزینه ۴ (ماندگاری بیشتر گل در گیاهان تزئینی): در گیاهان گل‌دار، فرآیند گرده‌افشانی و لقاح موفقیت‌آمیز باعث تولید هورمون‌هایی (به‌ویژه اتیلن) می‌شود که تسریع‌کننده پیری گلبرگ‌ها و ریزش گل هستند. در گیاهان اتوتریپلوئید زینتی، به دلیل عقیمی گامتی و عدم انجام لقاح و تولید بذر، سیگنال‌های فیزیولوژیکی پیری گل فعال نشده و در نتیجه، **طول عمر و ماندگاری گل روی بوته یا به صورت گل بریده (Vase Life)** به طور چشمگیری افزایش می‌یابد.

راه حل تستی: در آزمون دکتری، هرگاه واژه «**تریپلوئید (Triploid)**» یا هر سطح پلوئیدی با عدد فرد (مانند پنتاپلوئید $۵x$) را مشاهده کردید، بلافاصله کلمه کلیدی «**عقیمی (Sterility)**» و «**بدون بذر بودن (Seedlessness)**» را در ذهن تداعی کنید. اعدا فرد مجموعه کروموزومی هرگز نمی‌توانند در تقسیم میوز به دو نیمه مساوی تقسیم شوند؛ بنابراین تولید بذر نرمال و فراوان از نظر بیولوژیکی غیرممکن است. با استفاده از این قاعده، گزینه‌ای که بر «تولید بذر فراوان» تاکید دارد، بلافاصله به عنوان گزینه نادرست (پاسخ سؤال) شناسایی می‌شود.

۱۳. گزینه ۱)

موضوع سوال: این سؤال در قلمرو «ژنتیک کلاسیک (مندلی و فوق‌مندلی)» و مبحث «پیوستگی ژنی، نوترکیبی و نقشه‌برداری کروموزومی (Linkage and Recombination)» قرار دارد. تمرکز سؤال بر محاسبه دقیق فراوانی گامت‌های والدی و نوترکیب بر اساس فاصله ژنتیکی (درصد کراسینگ‌اور) و آرایش آلل‌ها روی کروموزوم‌های همتا (حالت جفت‌شدگی/سیز و حالت دفع/ترانس) در یک جامعه سلولی مشخص است.

پاسخ تشریحی

برای حل این مسئله، ابتدا باید مفاهیم بنیادی فاصله ژنتیکی، آرایش آللی و تعداد کل گامت‌های تولیدی را تبیین کرده و سپس محاسبات را به طور دقیق انجام دهیم:

الف) محاسبه تعداد کل گامت‌های تولیدشده:

هر سلول دیپلوئید که وارد چرخه میوز (Meiosis I & II) می‌شود، در انتهای فرآیند تقسیم، ۴ سلول هاپلوئید (گامت) تولید می‌کند. بنابراین، اگر ۱۰۰ سلول با ژنوتیپ $AaBb$ وارد چرخه میوز شوند، تعداد کل گامت‌های حاصل برابر خواهد بود با:

$$N_{total} = ۱۰۰ \times ۴ = ۴۰۰ \text{ Gametes}$$

ب) مفهوم فاصله ژنتیکی و فراوانی نوترکیبی (θ):

فاصله بین دو ژن بر روی یک کروموزوم برحسب «سانتی‌مورگان (cM)» یا «واحد نقشه (m.u.)»، مستقیماً بیانگر «درصد گامت‌های نوترکیب (Recombination Frequency)» حاصل از وقوع کراسینگ‌اور بین آن دو مکان ژنی است. در این سؤال، فاصله دو ژن ۲۰ سانتی‌مورگان داده شده است؛ به این معنی که از کل گامت‌های تولیدی:

- **فراوانی کل گامت‌های نوترکیب (RF):** $\%۲۰$ (یا ۰٫۲۰) خواهد بود که به طور مساوی بین دو نوع گامت نوترکیب تقسیم می‌شود (هر کدام $\%۱۰$).
- **فراوانی کل گامت‌های والدی (PF):** $\%۸۰$ (یا ۰٫۸۰ = ۰٫۲۰ - ۱) خواهد بود که به طور مساوی بین دو نوع گامت والدی تقسیم می‌شود (هر کدام $\%٤۰$).

ج) محاسبه تعداد گامت‌های AB در آرایش سیس (cis یا Coupling Phase):

در حالت سیس یا جفت‌شدگی، آلل‌های غالب هر دو ژن بر روی یک کروموزوم و آلل‌های مغلوب بر روی کروموزوم همتای دیگر قرار دارند ($\frac{AB}{ab}$). در این آرایش:

- **گامت‌های والدی (تولیدشده با فراوانی بالا – هرکدام $\%٤۰$):** شامل گامت‌های AB و ab.
- **گامت‌های نوترکیب (تولیدشده با فراوانی پایین – هرکدام $\%۱۰$):** شامل گامت‌های Ab و aB.

بنابراین، برای محاسبه تعداد گامت‌های AB در آرایش سیس، از درصد گامت والدی مربوطه ضرب در کل گامت‌ها استفاده می‌کنیم:

$$\text{Number of } AB \text{ gametes (cis)} = \%٤۰ \times ٤۰۰ = \frac{٤۰}{۱۰۰} \times ٤۰۰ = ۱٦۰$$

د) محاسبه تعداد گامت‌های AB در آرایش ترانس ($trans$ یا Repulsion Phase):

در حالت ترانس یا دفع، بر روی هر کروموزوم همتا یک آلل غالب و یک آلل مغلوب قرار دارد ($\frac{Ab}{aB}$). در این آرایش:

- **گامت‌های والدی (تولیدشده با فراوانی بالا – هرکدام $\%٤۰$):** شامل گامت‌های Ab و aB.
- **گامت‌های نوترکیب (تولیدشده با فراوانی پایین – هرکدام $\%۱۰$):** شامل گامت‌های AB و ab.

بنابراین، برای محاسبه تعداد گامت‌های AB در آرایش ترانس، از درصد گامت نوترکیب مربوطه ضرب در کل گامت‌ها استفاده می‌کنیم:

$$\text{Number of } AB \text{ gametes (trans)} = \%۱۰ \times ٤۰۰ = \frac{۱۰}{۱۰۰} \times ٤۰۰ = ٤۰$$

در نتیجه، تعداد گامت‌های با ژنوتیپ AB به ترتیب در آرایش سیس و ترانس برابر با **۱۶۰** و **۴۰** می‌باشد که کاملاً با گزینه ۱ منطبق است.

نکات تکمیلی: رابطه سلول‌های متمایل به کراسینگ‌اور و گامت‌های نوترکیب

یکی از نکات بسیار ظریف و پیشرفته در سیتوژنتیک که در آزمون‌های دکتری بسیار مورد توجه طراحان است، تفاوت بین «درصد سلول‌های میوزی وقوع‌یافته با کراسینگ‌اور» و «درصد گامت‌های نوترکیب» است.

هنگامی که در مرحله پاکیتن میوز، یک کراسینگ‌اور منفرد (Single Crossover) درون ناحیه بین دو ژن روی تتراکت (تتراد - مجموعه ۴ کروماتیدی) رخ می‌دهد، تنها **دو کروماتید غیرخواهری** از ۴ کروماتید درگیر تبادل می‌شوند و دو کروماتید دیگر دست‌نخورده باقی می‌مانند. در نتیجه، هر سلولی که در آن کراسینگ‌اور رخ می‌دهد، در نهایت ۲ گامت والدی ($\%٥۰$) و ۲ گامت نوترکیب ($\%٥۰$) تولید می‌کند.

بنابراین، یک قاعده طلایی در ژنتیک برقرار است:

$$\text{Recombination Frequency (\%)} = \frac{۱}{۲} \times \text{Percentage of Meiocytes with a Single Crossover}$$

در این سؤال که فراوانی نوترکیبی ۲۰ درصد (۲۰ سانتی‌مورگان) است، به این معنی است که دقیقاً در **۴۰ درصد از سلول‌های اولیه (۴۰ سلول از ۱۰۰ سلول)**، کراسینگ‌اور بین این دو ژن رخ داده است (که ۴۰ سلول × ۲ گامت نوترکیب = ۸۰ گامت نوترکیب کل را ایجاد می‌کند) و در ۶۰ درصد دیگر سلول‌ها هیچ کروموزوم نوترکیبی تشکیل نشده است.

وضعیت آرایش آللی	فرمول کروموزومی	نوع گامت AB	فراوانی گامت AB (رابطه جبری)	تعداد گامت AB در این سؤال (N=۴۰۰)
سیس (Coupling / Cis)	$\frac{AB}{ab}$	والدی (Parental)	$\frac{1-\theta}{2}$	$\frac{1-0.20}{2} \times 400 = 160$
ترانس (Repulsion / Trans)	$\frac{Ab}{aB}$	نوترکیب (Recombinant)	$\frac{\theta}{2}$	$\frac{0.20}{2} \times 400 = 40$

راه حل تستی

برای حل سؤالات مشابه در کمتر از ۱۵ ثانیه در جلسه آزمون، از این الگوریتم ذهنی استفاده کنید:

۱. **محاسبه سریع کل گامت‌ها:** تعداد سلول × ۴ (در اینجا $100 \times 4 = 400$).

۲. **تشخیص والدی یا نوترکیب بودن گامت مورد نظر (AB):**

- در آرایش **سیس**، گامت AB همیشه **والدی** است ← درصد بالا ($\frac{100-20}{2} = 40\%$).
- در آرایش **ترانس**، گامت AB همیشه **نوترکیب** است ← درصد پایین ($\frac{20}{2} = 10\%$).

۲. **محاسبه نهایی با ضرب کسر در کل:** ۴۰ درصد ۴۰۰ می‌شود ۱۶۰؛ و ۱۰ درصد ۴۰۰ می‌شود ۴۰. بدون نیاز به نوشتن هیچ فرمولی، گزینه ۱ تأیید می‌شود.

۱۴. گزینه ۳)

موضوع سوال

- این سؤال در قلمرو «**ژنتیک کلاسیک (مندلی و فوق‌مندلی)**» و مبحث «**توارث چندژنی، روابط آللی (غلبه ناقص) و آلل‌های کشنده (Lethal Alleles)**» قرار دارد.
- هدف اصلی چالش، سنجش توانایی داوطلب در محاسبه تفکیک مستقل ژن‌ها (قانون دوم مندل)، ترکیب آثار آللی مختلف در یک تلاقی تری‌هیبرید (سه جفت ژن هتروزیگوت) و محاسبه تعداد گامت‌ها، ژنوتیپ‌ها و فنوتیپ‌ها پس از حذف افراد سقط‌شده توسط ژن کشنده است.

پاسخ تشریحی

برای حل دقیق این سؤال ترکیبی، مسئله را به دو بخش اساسی تقسیم کرده و هرکدام را بر اساس اصول ژنتیک کلاسیک حل می‌کنیم:

الف) محاسبه تعداد انواع گامت‌های تولیدی توسط گیاه $AaBbDd$:

- طبق اصل جور شدن مستقل ژن‌ها، هر جفت ژن هتروزیگوت ۲ نوع گامت تولید می‌کند (2^n که در آن n تعداد جایگاه‌های ژنی هتروزیگوت است).
- برای ژنوتیپ تری‌هیبرید $AaBbDd$ (دارای ۳ جفت ژن هتروزیگوت $n = 3$):

$$\text{Number of Gametes} = 2^3 = 2 \times 2 \times 2 = 8 \text{ types of gametes}$$

(انواع گامت‌ها: $ABD, ABd, AbD, Abd, aBD, aBd, abD, abd$)

ب) محاسبه تعداد ژنوتیپ‌ها و فنوتیپ‌های حاصل از خودگشنی (Selfing):

در خودگشنی گیاه $AaBbDd \times AaBbDd$، به دلیل استقلال ژن‌ها، می‌توانیم تفکیک هر مکان ژنی را به طور مستقل بررسی کرده و سپس نتایج را در یکدیگر ضرب کنیم (قانون ضرب احتمالات).

- **بررسی ژن اول (مثلاً $Aa \times Aa$ با فرض غلبه ناقص):**
  - **تعداد ژنوتیپ‌ها:** ۳ نوع (AA, Aa, aa).
  - **تعداد فنوتیپ‌ها:** ۳ نوع؛ زیرا در غلبه ناقص (Incomplete Dominance)، فنوتیپ هتروزیگوت (Aa) از هر دو هموزیگوت (AA و aa) متمایز است (مانند گل میمونی که قرمز، صورتی و سفید تولید می‌کند).

$$\Rightarrow \text{Genotypes}_A = ۳, \quad \text{Phenotypes}_A = ۳$$

- **بررسی ژن دوم (مثلاً $Bb \times Bb$ با فرض غلبه ناقص + کشندگی مغلوب خالص):**
  - این بخش مهم‌ترین قسمت تحلیلی سؤال است. صورت سؤال می‌گوید: «وجود غلبه ناقص و کشندگی مغلوب خالص در یک ژن».
  - در تلاقی $Bb \times Bb$، نسبت ژنوتیپی اولیه $۱BB : ۲Bb : ۱bb$ است.
  - **تأثیر کشندگی مغلوب خالص (bb):** هموزیگوت‌های مغلوب قبل از تولد یا در مراحل اولیه رشد سقط شده و از جمعیت زنده حذف می‌شوند. بنابراین تنها ژنوتیپ‌های BB و Bb باقی می‌مانند.

$$\Rightarrow \text{Genotypes}_B = ۲ \text{ types } (BB \text{ and } Bb)$$

  - **تأثیر غلبه ناقص در این ژن:** بین دو ژنوتیپ باقی‌مانده (BB و Bb)، به دلیل وجود غلبه ناقص، دو فنوتیپ کاملاً متفاوت و مجزا بروز می‌کند.

$$\Rightarrow \text{Phenotypes}_B = ۲ \text{ types}$$

- **بررسی ژن سوم (مثلاً $Dd \times Dd$ – غلبه کامل عادی):**
  - از آنجا که طراح برای ژن سوم هیچ شرط خاصی (نه غلبه ناقص و نه کشندگی) ذکر نکرده است، طبق اصل پارسیمونی (صرفه‌جویی ذهنی در تست‌زنی)، برای این ژن رابطه «غلبه کامل (Complete Dominance)» استاندارد مندلی فرض می‌شود:
  - **تعداد ژنوتیپ‌ها:** ۳ نوع (DD, Dd, dd).

$$\Rightarrow \text{Genotypes}_D = ۳$$

  - **تعداد فنوتیپ‌ها:** ۲ نوع؛ زیرا ژنوتیپ‌های DD و Dd یک فنوتیپ غالب یکسان دارند و dd فنوتیپ مغلوب را نشان می‌دهد.

$$\Rightarrow \text{Phenotypes}_D = ۲$$

ج) ترکیب نهایی با استفاده از اصل ضرب:

- **تعداد کل ژنوتیپ‌های زنده در نسل بعد:**

$$\text{Total Genotypes} = \text{Genotypes}_A \times \text{Genotypes}_B \times \text{Genotypes}_D = ۳ \times ۲ \times ۳ = \mathbf{18}$$

- **تعداد کل فنوتیپ‌های قابل مشاهده در نسل بعد:**

$$\text{Total Phenotypes} = \text{Phenotypes}_A \times \text{Phenotypes}_B \times \text{Phenotypes}_D = ۳ \times ۲ \times ۲ = \mathbf{12}$$

راه حل تستی

- **تکنیک تفکیک مستقل (قانون ضرب):** هرگز در جلسه آزمون برای سؤالات چندژنی (دی‌هیبرید، تری‌هیبرید و...) جدول پانت (Punnett square) نکشید! همیشه هر ژن را جداگانه بررسی کرده، تعداد حالات آن را نوشته و در هم ضرب کنید.
- **توجه به ترتیب واژگان در صورت سؤال:** همیشه زیر کلماتی که ترتیب را مشخص می‌کنند خط بکشید. در اینجا: «به ترتیب چند نوع فنوتیپ و ژنوتیپ». فنوتیپ = ۱۲ و ژنوتیپ = ۱۸. همین دقت ساده شما را از دام گزینه ۲ نجات می‌دهد.

۱۵. گزینه ۴)

موضوع سوال

این سؤال در قلمرو **«سیتوژنتیک گیاهی و جانوری»** و مبحث **«کاریوتیپینگ، آنالیز کروموزومی و چرخه سلولی (Karyotyping and Cell Cycle Analysis)»** قرار دارد. هدف اصلی سؤال، سنجش دانش داوطلب در خصوص تغییرات دینامیک تراکم کروموزومی (Chromosomal Condensation) طی مراحل مختلف تقسیم میتوز و تشخیص استانداردترین و بهینه‌ترین مرحله برای شمارش، بررسی مورفولوژی، اندازه‌گیری بازوها و ترسیم کاریوگرام (Karyogram) و ایدیوگرام (Idiogram) است.

پاسخ تشریحی

کاریوتیپ (Karyotype) به تصویری استاندارد و مرتب‌شده از مجموعه کامل کروموزوم‌های یک سلول گفته می‌شود که بر اساس طول کل کروموزوم، موقعیت سانترومر (نسبت بازوی بلند به کوتاه یا $\frac{q}{p}$) و الگوهای نواربندی (Banding Patterns) تنظیم می‌گردد. دلیل اینکه مرحله **متافاز میتوز** به عنوان ایدئال‌ترین مرحله برای تهیه کاریوتیپ انتخاب می‌شود، به مکانیسم‌های بیوفیزیکی و مولکولی زیر بازمی‌گردد:

- **حداکثر تراکم و فشردگی (Maximum Supercoiling):** طی پروفاز و پرومتافاز، رشته‌های کروماتین با کمک کمپلکس‌های پروتئینی مانند کاندنسین (Condensin) و فسفوریلاسیون هیستون H۳، شروع به تاخوردن و فشرده شدن می‌کنند. در مرحله متافاز، کروموزوم‌ها به **بالاترین درجه تراکم و کوتاهی** خود می‌رسند. این ضخامت بالا و طول کوتاه باعث می‌شود که کروموزوم‌ها در زیر میکروسکوپ نوری با حداکثر وضوح و کنتراست (Contrast) قابل مشاهده باشند.
- **استقرار در صفحه استوایی و تفکیک فضایی:** در مرحله متافاز، تمامی کروموزوم‌ها در صفحه استوایی سلول (Metaphase Plate) ردیف می‌شوند. در این حالت، دو کروماتید خواهری (Sister Chromatids) هر کروموزوم به موازات یکدیگر قرار گرفته و صرفاً از ناحیه سانترومر به یکدیگر متصل هستند. این هندسه فضایی، بهترین وضعیت را برای تعیین دقیق موقعیت سانترومر (متاسنتریک، ساب‌متاسنتریک، آکروسنتریک یا تلوسنتریک بودن) فراهم می‌کند.
- **قابلیت توقف مصنوعی تقسیم (Metaphase Arrest):** در آزمایشگاه‌های سیتوژنتیک گیاهی (مانند استفاده از مریستم نوک ریشه) و انسانی، برای دستیابی به تعداد زیادی سلول در مرحله متافاز، از تیمارهای پیش‌تثبیت (Pre-treatment) با مواد متوقف‌کننده دوک تقسیم (Spindle Poisons) استفاده می‌شود. ترکیباتی نظیر **کلشیسین (Colchicine)**، **کلسمید (Colcemid)**، **۸-هیدروکسی‌کینولین (۸-Hydroxyquinoline)**، **آلفا-برومونفتالین (α-Bromonaphthalene)** و **پارا-دی‌کلروبنزن (PDB)** با ممانعت از پلیمریزاسیون تتراپیک مولکول‌های توبولین، مانع از تشکیل ریزلوله‌های (میکروتوبول‌های) دوک تقسیم می‌شوند. در نتیجه، سلول‌ها قادر به ورود به مرحله آنافاز نبوده و کروموزوم‌ها به صورت متراکم و پراکنده در سیتوپلاسم (C-Metaphase) تجمع می‌یابند که شمارش و آنالیز آن‌ها را بسیار آسان می‌کند.

بررسی سایر گزینه ها

- **گزینه ۱ (آنافاز میتوز):** در مرحله آنافاز، کروماتیدهای خواهری از ناحیه سانترومر جدا شده و تحت تأثیر کشش رشته‌های دوک به سمت قطبین مخالف سلول حرکت می‌کنند. در این مرحله، کروموزوم‌ها به دلیل حرکت در سیتوپلاسم اشکال خمیده (مانند V، L یا J) به خود می‌گیرند، روند باز شدن و کاهش تراکم آن‌ها آغاز می‌شود و به دلیل تجمع و فشردگی سلولی در قطبین، مرز بین کروموزوم‌ها کاملاً در هم تنیده شده و قابلیت شمارش و اندازه‌گیری دقیق را از دست می‌دهند. همچنین در آنافاز، تعداد کروموزوم‌ها

موقتاً دو برابر به نظر می‌رسد (کروموزوم‌های تک‌کروماتیدی) که برای ثبت کاریوتیپ استاندارد (دیپلوئید دوکروماتیدی) گمراه‌کننده است.

- **گزینه ۲ (پروفاز میتوز):** در مرحله پروفاز، کروموزوم‌ها در ابتدای مسیر تراکم قرار دارند؛ بنابراین بسیار طویل، نازک و به صورت رشته‌های در هم تنیده (مانند کلاف نخ) درون هسته دیده می‌شوند. در این وضعیت، تعیین طول دقیق بازوها، تشخیص جایگاه سانترومر و تفکیک کروموزوم‌های همتا از یکدیگر به دلیل هم‌پوشانی شدید ساختاری عملاً غیرممکن است. (البته در سیتوژنتیک پیشرفته انسانی، از مرحله پرومتافاز یا پروفاز پسین صرفاً برای «نواربندی با وضوح بالا یا High-Resolution Banding» جهت تشخیص ریزحذف‌های ژنتیکی استفاده می‌شود، اما برای تهیه کاریوتیپ استاندارد و عمومی گیاهی، متافاز انتخاب اول و مطلق است).
- **گزینه ۳ (تلوفاز میتوز):** در مرحله تلوفاز، کروموزوم‌ها به قطبین سلول رسیده‌اند، پوشش هسته مجدداً در اطراف آن‌ها تشکیل می‌شود و فرآیند واپیچش و باز شدن (Decondensation) کروموزوم‌ها با سرعت بالا رخ می‌دهد. کروموزوم‌ها ساختار منسجم خود را از دست داده و به توده کروماتینی نامشخص و پراکنده (Chromatin Network) تبدیل می‌شوند که هیچ‌گونه هویت مورفولوژیکی قابل ردیابی با میکروسکوپ نوری ندارد.

راه حل تستی

در تست‌های آزمون دکتری مرتبط با سیتوژنتیک، یک پیوند ذهنی (Association) همیشگی و ناگسستنی بین واژگان کلیدی برقرار کنید:

هرگاه کلماتی مانند «**کاریوتیپ (Karyotype)**»، «**شمارش کروموزوم**»، «**ایدیوگرام (Idiogram)**»، «**کلشیسین (Colchicine)**» یا «**حداکثر تراکم کروموزومی**» را در صورت سؤال مشاهده کردید، بدون هیچ‌گونه مکث و تردیدی گزینه «**متافاز (Metaphase)**» را انتخاب کنید. پاسخ‌گویی به این تست مبتنی بر یادآوری مستقیم مفهوم است و زمان اختصاص‌یافته به آن در جلسه آزمون نباید بیش از **۵ ثانیه** باشد تا زمان ذخیره‌شده صرف سؤالات محاسباتی ژنتیک کمی و بیومتری گردد.

۱۶. گزینه ۲)

موضوع سوال

این سؤال در قلمرو «**ژنتیک جمعیت (Population Genetics)**» و مبحث بنیادین «**تعادل هاردی-واینبرگ (Hardy-Weinberg Equilibrium - HWE)**» قرار دارد. هدف اصلی سؤال، سنجش توانایی داوطلب در برآورد فراوانی‌های آللی (p و q) و فراوانی‌های ژنوتیپی ($2pq$) بر اساس فراوانی فنوتیپ مغلوب (q^2) در یک جمعیت بزرگ، تصادفی‌گشن و عاری از نیروهای تکاملی است.

پاسخ تشریحی

بر اساس قانون هاردی-واینبرگ، در یک جایگاه ژنی دو آللی (آلل غالب A با فراوانی p و آلل مغلوب a با فراوانی q)، رابطه بنیادی فراوانی آلل‌ها به صورت $p+q=1$ و توزیع فراوانی ژنوتیپ‌ها در نسل بعد به صورت بسط دوجمله‌ای زیر بیان می‌شود:

$$p^2(AA)+2pq(Aa)+q^2(aa)=1$$

برای حل این مسئله، گام‌های محاسباتی زیر را به ترتیب اجرا می‌کنیم:

- **گام اول: استخراج فراوانی آلل مغلوب (q):**

طبق فرض سؤال، فراوانی عارضه اتوزومی و نهفته (که تنها در هموزیگوت‌های مغلوب aa بروز می‌کند) برابر با 0.0004 است. بنابراین:

$$q^2=0.0004 \Rightarrow q=\sqrt{0.0004}=0.02$$

- **گام دوم: محاسبه فراوانی آلل غالب (p):**

با استفاده از رابطه مکمل فراوانی آلل‌ها، مقدار p به راحتی برآورد می‌شود:

$$p = ۱ - q = ۱ - ۰.۰۲ = ۰.۹۸$$

*(تا اینجا قسمت اول خواسته سؤال یعنی فراوانی آلل غالب برابر با **۰٫۹۸** به‌دست می‌آید).*

- **گام سوم: محاسبه فراوانی افراد هتروزیگوت یا ناقل ($۲pq$):**

فراوانی ژنوتیپ هتروزیگوت (Aa) در جامعه در حال تعادل از رابطه $۲pq$ به‌دست می‌آید:

$$۲pq = ۲ \times (۰.۹۸) \times (۰.۰۲) = ۲ \times ۰.۰۱۹۶ = ۰.۰۳۹۲$$

*(قسمت دوم خواسته سؤال یعنی فراوانی هتروزیگوت‌ها برابر با **۰٫۰۳۹۲** محاسبه می‌شود).*

۱۷. گزینه ۲)

موضوع سوال

این سؤال در قلمرو «**ژنتیک مولکولی گیاهی و ژنتیک انـدامکی (Organellar Genetics)**» و مبحث «**بیـان ژن‌هـای کلروپلاستی و تعامل هسته-سیتوپلاسم**» قرار دارد. هدف اصلی سؤال، ارزیابی تسلط داوطلب بر منشأ ژنتیکی دوگانه‌ی زیرواحدهای آنزیم کلیدی روبیسکو (Rubisco) و تعیین محل دقیق استقرار و فعالیت بیوشیمیایی این آنزیم در ساختار کلروپلاست است.

پاسخ تشریحی

آنزیم **روبیسکو (Ribulose-۱,۵-bisphosphate carboxylase/oxygenase-)** فراوان‌ترین پروتئین موجود در برگ گیاهان و احتمالاً کل زیست‌کره (بایوسفر) است که گام اول تثبیت کربن در چرخه کالوین-بنسون (Calvin-Benson cycle) را کاتالیز می‌کند. این آنزیم یک هگزادکامری (Hexadecameric) یا ساختار ۱۶ زیرواحدی است که از ۸ زیرواحد بزرگ (RbcL) با وزن مولکولی حدود ۵۵ → ۵۰ kDa) و ۸ زیرواحد کوچک (RbcS) با وزن مولکولی حدود ۱۵ → ۱۴ kDa) تشکیل شده است (L_8S_8). منشأ ژنتیکی و بیوسنتز این زیرواحدها یک نمونه عالی از «همکاری تکاملی ژنوم هسته و ژنوم کلروپلاست» است:

- **منشأ ژنتیکی زیر واحد کوچک (RbcS):** زیرواحدهای کوچک روبیسکو توسط یک خانواده چندژنی (Multigene family) به نام $rbcS$ که در **ژنوم هسته (Nuclear Genome)** قرار دارد، کدگذاری می‌شوند. این ژن‌ها توسط RNA پلی‌مراز II در هسته رونویسی شده و mRNA حاصل در سیتوسول توسط ریبوزوم‌های $۸۰S$ به صورت یک پیش‌ساز پروتئینی (Precursor protein) به نام pRbcS ترجمه می‌شود. این پیش‌ساز در انتهای آمینی (N-terminus) خود دارای یک دنباله گذار یا پپتید نشانه (Transit Peptide) است که هدایت آن را به سمت کلروپلاست بر عهده دارد.
- **مکانیسم ورود و تجمع در استروما:** پروتئین pRbcS از طریق کمپلکس‌های ترانزلوکون غشای خارجی و داخلی کلروپلاست (کمپلکس‌های TOC و TIC) وارد فضای **استروما (Stroma)** می‌شود. در درون استروما، پپتید نشانه توسط آنزیم استرومایی پردازشگر (Stromal Processing Peptidase - SPP) برش داده شده و زیرواحد کوچک بالغ حاصل می‌گردد. در همین زمان، زیرواحد بزرگ (RbcL) توسط ژن تک‌نسخه‌ای $rbcL$ واقع بر روی **ژنوم کلروپلاست (cpDNA)** کدگذاری شده و توسط ریبوزوم‌های $۷۰S$ مستقر در استروما ترجمه می‌شود. در نهایت، با کمک چاپرون‌های استرومایی (به‌ویژه چاپرونین‌های $Cpn۶۰/Cpn۲۰$ و پروتئین‌های تجمعی RbcX و RAF۱)، ۸ زیرواحد بزرگ و ۸ زیرواحد کوچک در ناحیه **استروما** به یکدیگر متصل شده و هولوآنزیم فعال روبیسکو را می‌سازند. تمامی مراحل تثبیت کربن و فعالیت کاتالیزوری روبیسکو منحصراً در **استرومای کلروپلاست** (بستر مایع درون کلروپلاست) انجام می‌پذیرد.