Roll No.								

24202-MJ

B.Sc. II SEMESTER [MAIN/ATKT] EXAMINATION
JUNE - JULY 2024

BIOINFORMATICS
[General Introduction to Bioinformatics]
[Major Subject]

[Max. Marks : 60] *[Time : 3:00 Hrs.]*

Note : All THREE Sections are compulsory. Student should not write any thing on question paper.
नोट : सभी तीन खण्ड अनिवार्य हैं। विद्यार्थी प्रश्न–पत्र पर कुछ न लिखें।

[Section - A]

This Section contains **Multiple Choice Questions**. Each question carries **1 Mark**. All questions are compulsory.
इस खण्ड में **बहुविकल्पीय प्रश्न** हैं। प्रत्येक प्रश्न **1 अंक** का है। सभी प्रश्न अनिवार्य है।

Q. 01 Which of the following scientists created the first Bioinformatics Database ?

a) Dayhoff **b)** Pearson

c) Richard Durbin **d)** Michael J. Dunn

निम्नलिखित में से किस वैज्ञानिक ने पहला बॉयोइन्फॉर्मेटिक्स डेटाबेस बनाया ?

a) डेहॉफ **b)** पियर्सन

c) रिचर्ड डर्बिन **d)** माइकल जे.डन

Q. 02 Which is a false statement regarding DAQ (Data Acquisition) systems ?

a) It can measure physical phenomenon which can be sampled.

b) Signal conditioning can be done.

c) DAQ system can generate its own physical sample sets.

d) Analog to digital conversion can be done.

DAQ (डेटा अधिग्रहण) सिस्टम के बारे में कौन सा कथन गलत है ?

a) यह भौतिक घटना को माप सकता है जिसका नमूना लिया जा सकता है।

b) सिग्नल कंडीशनिंग की जा सकती है।

c) DAQ सिस्टम अपने स्वयं के भौतिक नमूना सेट उत्पन्न कर सकता है।

d) एनालॉग से डिजिटल रूपांतरण किया जा सकता है।

Q. 03 Among the following which one is not the approach to the local alignment ?

a) Smith - Waterman Algorithm **b)** Needleman - Wunsch algorithm

c) Word method **d)** K-tuple method

निम्नलिखित में से कौन सा लोकल अलाइनमेंट नहीं है –

a) स्मिथ वाटरमैन एल्गोरिथ्म **b)** नीडलमैन – वुन्श एल्गोरिथ्म

c) वर्ड विधि **d)** के–टपल विधि

Q. 04 Which of the following is incorrect regarding the terminologies of Phylogenetics -

a) The connecting point where two adjacent branches joint is called a node

b) Node represents an inferred ancestor of extant taxa.

c) The lines in the tree are called branches.

d) None of these

फाइलोजेनेटिक्स की शब्दावली के संबंध में निम्नलिखित में से कौन सा गलत है –

a) वह कनेक्टिंग पॉईंट जहाँ दो आसन्न शाखाएँ जुड़ती है, नोड कहलाती है।

b) नोड मोजूदा टैक्सा के अनुमानित पूर्वज को दर्शाता है।

c) पेड़ की रेखाओं को शाखाएँ कहा जाता है।

d) उपरोक्त में से कोई नहीं

Q. 05 What is the source of protein structures in SCOP and CATH ?

a) Uniprot **b)** Protein Data Bank

c) Ensemble **d)** Interpro

स्कोप और कैथ में प्रोटीन संरचनाओं का स्त्रोत क्या है ?

a) यूनिप्रोट **b)** प्रोटीन डेटा बैंक

c) एनसेंबल **d)** इंटरप्रो

[Section - B]

This Section contains **Short Answer Type Questions.** Attempt **any five** questions in this section in 200 words each. Each question carries **7 Marks**.

इस खण्ड में **लघुउत्तरीय प्रश्न** हैं। इस खण्ड में **किन्हीं पांच** प्रश्नों को हल करें। प्रत्येक उत्तर 200 शब्दों में लिखें। प्रत्येक प्रश्न **7 अंक** का है।

Q. 01 What is Bioinformatics ? Explain in brief ?

बॉयोइन्फॉर्मेटिक्स क्या है ? संक्षिप्त में समझाइये ?

Q. 02 Briefly explain about specialized genome database ?

विशेष जीनोम डेटाबेस के बारे में संक्षेप में समझाइये ?

Cont. . .

Q. 03 Explain about NCBI data model ?

NCBI डेटा मॉडल को समझाइये ?

Q. 04 Writ a short note on BLAST.

ब्लास्ट पर संक्षिप्त टिप्पणी लिखिये।

Q. 05 What do you understand by information retrieval system ? Explain in brief about integrated information retrieval [Entrez system] ?
सूचना पुनर्प्राप्ति प्रणाली से आप क्या समझते हैं ? एकीकृत सूचना पुनर्प्राप्ति (एंट्रेज सिस्टम) के बारे में संक्षेप में समझाइये।

Q. 06 What is structure classification database ?

स्ट्रक्चर क्लासीफिकेशन डेटाबेस क्या है ?

Q. 07 Write a short note on PDB Database ?

PDB डेटाबेस पर टिप्पणी कीजिये ?

Q. 08 Write any one method for structure modelling.

किसी एक स्ट्रक्चर मॉडलिंग विधि को समझाइये।

[Section - C]

This section contains **Essay Type Questions**. Attempt **any two** questions in this section in 500 words each. Each question carries **10 marks**.
इस खण्ड में **दीर्घउत्तरीय प्रश्न** हैं। इस खण्ड में **किन्हीं दो** प्रश्नों को हल करें। प्रत्येक उत्तर 500 शब्दों में लिखें। प्रत्येक प्रश्न **10 अंकों** का है।

Q. 09 Write an essay on Nucleic acid database ?

न्यूक्लिक एसीड डेटाबेस पर निबंध लिखिये ?

Q. 10 What is sequence alignment ? Explain in detail.

सिक्वेंस अलाइनमेंट क्या है ? विस्तार से समझाइये।

Q. 11 Write a detail note about phylogenetic analysis ?

फाइलोजेनेटिक विश्लेषण के बारे में विस्तार से टिप्पणी लिखिये ?

Q. 12 What do you understand by Comparative genome analysis ? Explain in detail.
तुलनात्मक जीनोम विश्लेषण से आप क्या समझते हैं ? विस्तार से समझाइये ?

—o—