

Roll No.

--	--	--	--	--	--	--	--

24202-O

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

BIOINFORMATICS

[General Introduction to Bioinformatics - II]

[Open Elective]

[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 हैं।

Q. 01 Which of the following tools is commonly used for constructing phylogenetic trees -

निम्नलिखित में से कौन सा टूल सामान्यतः जीव वंश वृक्ष निर्माण के लिये प्रयोग किया जाता है –

- | | |
|----------|--------------|
| a) BLAST | b) Clustal w |
| c) MEGA | d) PyMOL |

Q. 02 Which of the following is a "Primary Goal of Gene Prediction" ?

- | | |
|---|--------------------------------------|
| a) To identify the physical location of genes within a genome | b) To sequence the entire genome |
| c) To analyze protein structures | d) To study gene expression patterns |

निम्नलिखित में से "जीन पूर्वानुमान का मुख्य उद्देश्य" क्या है ?

- | | |
|---|---|
| a) जीनोम के अंदर जीन के भौतिक स्थान की पहचान करना | b) सम्पूर्ण जीनोम को अनुक्रमित करना |
| c) प्रोटीन संरचना का विश्लेषण करना | d) जीन अभिव्यक्ति पैटर्न का अध्ययन करना |

Q. 03 Which of the following is a common method for predicting protein secondary structure ?

निम्नलिखित में से प्रोटीन संरचना का पूर्वानुमान करने का एक सामान्य तरीका क्या है—

- | | |
|-----------------------|------------|
| a) BLAST | b) GROMACS |
| c) Chou-Fasman method | d) PyMOL |

P.T.O.

Q. 04 What is the main focus of structural bioinformatics -

- | | |
|--------------------------------|--|
| a) Analyzing DNA sequences | b) Predicting protein structures and functions |
| c) Studying metabolic pathways | d) Identifying gene expression patterns |

संरचनात्मक जैव सूचना विज्ञान का मुख्य उद्देश्य क्या है ?

- | | |
|------------------------------|---|
| a) डीएनए अनुक्रम का विश्लेषण | b) प्रोटीन संरचना और कार्य का पूर्वानुमान लगाना |
| c) चयापचय मार्गों का अध्ययन | d) जीन अभिव्यक्ति पैटर्न की पहचान करना |

Q. 05 Which database is specifically designed for storing and comparing genome -

कौन सा डेटाबेस विशेष रूप से जीनोम अनुक्रम संग्रहीत और तुलना के लिये डिजाइन किया गया है -

- | | |
|------------------------|------------|
| a) PDB | b) GenBank |
| c) UCSC Genome Browser | d) Ensembl |

[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 are phylogenetic trees, and how are they used in evolutionary biology.

फाइलोजेनेटिक वृक्ष क्या है और उसका विकासवादी जीव विज्ञान में कैसे उपयोग किया जाता है।

Q. 02 What are some common challenges or limitations associated with phylogenetic analysis ?

फाइलोजेनेटिक विश्लेषण के साथ कुछ सामान्य चुनौतियाँ या सीमाएँ क्या हैं ?

Q. 03 Explain Searching by Signal.

संकेत द्वारा खोज समझाइये।

Q. 04 What is comparative genome analysis.

तुलनात्मक जीनोम विश्लेषण क्या है ?

Q. 05 What is protein structure prediction and why is it important in bioinformatics.

प्रोटीन संरचना पूर्वानुमान क्या है और यह जैव सूचना विज्ञान में क्यों महत्वपूर्ण है।

Cont. . .

Q. 06 Write a note on physical properties based on sequence.

अनुक्रम के आधार पर भौतिक गुणों पर एक टिप्पणी लिखिये।

Q. 07 What is the structure database and what type of data does it contain.

संरचना डेटाबेस क्या है और इसमें कौन-से प्रकार का डाटा होता है।

Q. 08 Discuss sequence motif and pattern.

अनुक्रम आकृति और पैटर्न पर चर्चा करें।

[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 What is PHYLIP and what are its main applications in phylogenetic analysis?

PHYLIP क्या है और वंशावली विश्लेषण में इसके मुख्य अनुप्रयोग क्या हैं।

Q. 10 Explain the principle of homology based gene prediction. How does it differ from other gene prediction methods ?

होमोलॉजी आधारित जीन पूर्वानुमान के सिद्धांत की व्याख्या करें। यह अन्य जीन पूर्वानुमान विधियों से कैसे भिन्न है ?

Q. 11 What are predictive methods using protein sequences and how are they applied in bioinformatics.

प्रोटीन अनुक्रमों का उपयोग करने वाले पूर्वानुमान विधियाँ क्या हैं और उनका जैव सूचना विज्ञान में कैसे उपयोग किया जाता है।

Q. 12 Write a detailed note on comparative genome analysis.

तुलनात्मक जीनोम विश्लेषण पर विस्तृत लेख लिखें।

○