

पेपर का नाम Name of the Paper	COMPUTATIONAL BIOLOGY & BIOINFORMATICS	पेपर का कोड Paper Code	41022
रोल नं. Roll No.	अभ्यर्थी का नाम Name of Candidate		
केन्द्र का नाम Name of the Centre	अभ्यर्थी के हस्ताक्षर Signature of Candidate		

क्र. सं./Serial No.

समय: 2:00 घंटा

अधिकतम अंक: 120

Time: 2:00 Hours

Maximum Marks: 120

अभ्यर्थियों के लिए अनुदेश

- बुकलेट में ओएमआर शीट और दो सील हैं। अभ्यर्थी सबसे पहले ओएमआर शीट प्राप्त करने के लिए बुकलेट के सबसे ऊपर की सील हटाकर निकालें। दूसरी सील परीक्षा शुरू होने के दो मिनट पहले हटाई जाएगी।
 - परीक्षा शुरू करने से पहले अभ्यर्थी प्रश्नपत्र पुस्तिका और ओएमआर उत्तर-पत्रक पर अपना रोलनं. लिखना और निर्धारित स्थानों पर हस्ताक्षर करना सुनिश्चित करें।
 - इस प्रश्नपत्र पुस्तिका में इस कवर पृष्ठ के अलावा कुल 120 प्रश्न हैं। रफ कार्य करने के लिए प्रश्न पत्र के अन्त में उपलब्ध खाली पृष्ठों का प्रयोग करें।
 - प्रत्येक प्रश्न के लिए चार वैकल्पिक उत्तर (a), (b), (c) और (d) दिए गए हैं। अभ्यर्थी जिस एक उत्तर को सही समझता है, उसका चयन करने के बाद उत्तर-पत्रक में गोले को अंकित करें/रंगें।
 - गोले को रंगने के लिए काले/नीले बॉल पेन का प्रयोग करें।
 - निम्नलिखित उदाहरण देखें।
उदाहरण
1. 20 और 12 का जोड़ होता है
(a) 32 (b) 38 (c) 31 (d) 34
उपयुक्त प्रश्न का सही उत्तर (a) है, जिसे ओएमआर उत्तर-पत्रक में निम्नलिखित रूप में अंकित करें:
- | | | | | |
|---|----------------------------------|-----------------------|-----------------------|-----------------------|
| 1 | <input checked="" type="radio"/> | <input type="radio"/> | <input type="radio"/> | <input type="radio"/> |
|---|----------------------------------|-----------------------|-----------------------|-----------------------|
- आधा रंगा हुआ, हल्के रूप से अंकित, गोले में सही या गलत के निशान को ऑप्टिकल स्कैनर द्वारा इसे गलत उत्तर के रूप में पढ़ा जाएगा और इसे गलत माना जाएगा।
 - परीक्षा कक्ष छोड़ने से पहले ओएमआर उत्तर पुस्तिका निरीक्षक को अवश्य सौंप दें।
 - ओएमआर उत्तर पत्र को सीधे रखें। इसे मोड़ें आदि नहीं।
 - सभी प्रश्न अनिवार्य हैं, प्रत्येक प्रश्न एक अंक का है।
 - कैलकुलेटर/मोबाइल/कोई भी इलेक्ट्रॉनिक मद/आपत्तिजनक सामग्री के प्रयोग की अनुमति नहीं है।

INSTRUCTIONS TO THE CANDIDATES

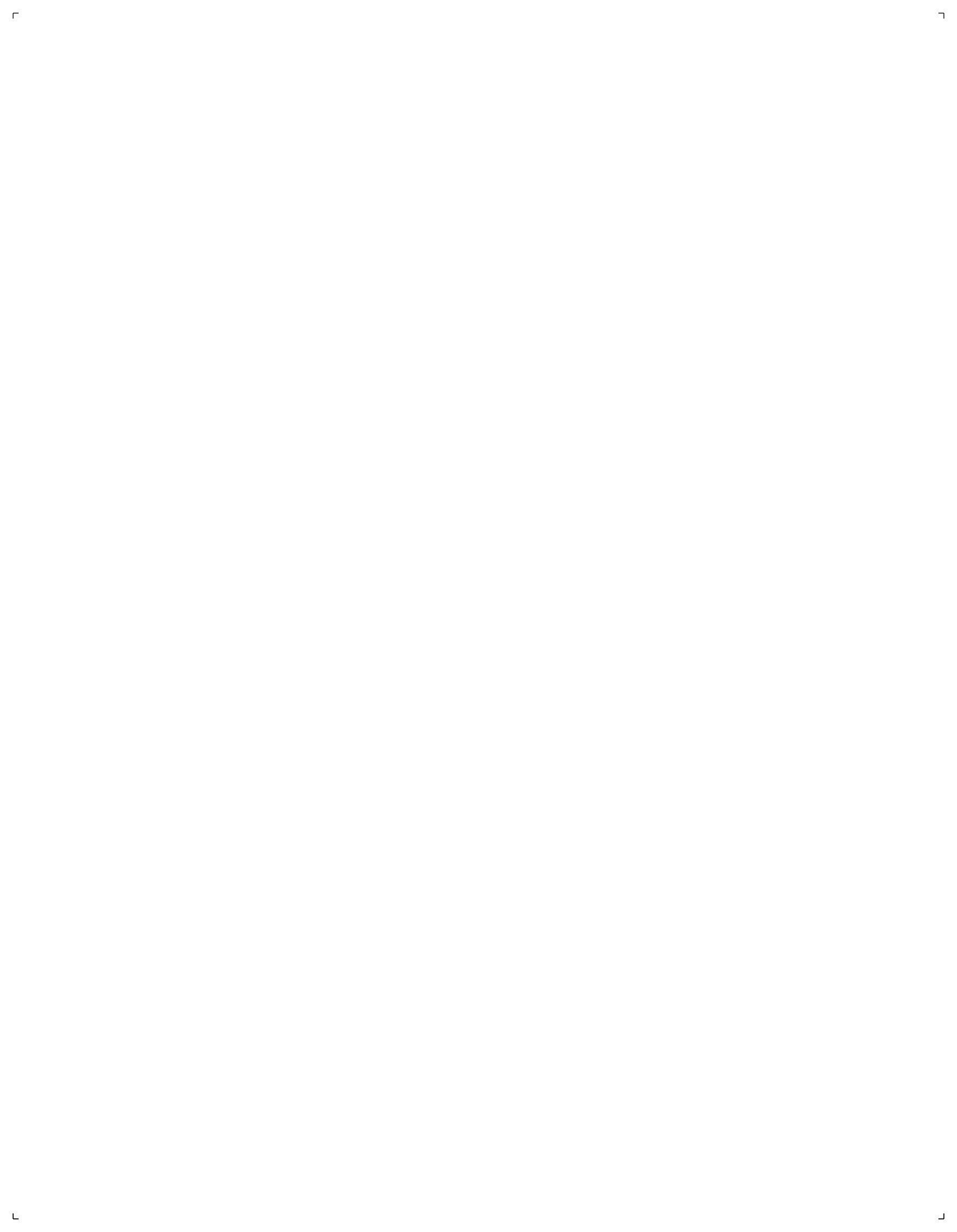
- The booklet contains OMR sheet and having two seals. Candidates will first open the booklet by removing the seal at the top to get the OMR sheet. Second seal will be removed two minutes before the commencement of the examination.
 - Before starting the Examination, the candidate must write her/his Roll Number in the Question Booklet and the OMR Answer Sheet; in addition to putting signature at the places provided for the purpose.
 - This Question Booklet consists of this cover page, and a total 120 items. Use Blank pages available at the end of Question Booklet for rough work.
 - There are four alternative answers to each item marked as (a), (b), (c) and (d). The candidate will have to select one of the answers that is considered to be correct by her/him. S/he will mark the answer considered to be correct by filling the circle.
 - Use black/blue ball point pen to darken the circle.
 - See the following illustrations.
Illustration:
1. The sum of 20 and 12 is
(a) 32 (b) 38 (c) 31 (d) 34
The Correct answer of item 1 is (a), which should be marked in OMR Answer Sheet as under:
- | | | | | |
|---|----------------------------------|-----------------------|-----------------------|-----------------------|
| 1 | <input checked="" type="radio"/> | <input type="radio"/> | <input type="radio"/> | <input type="radio"/> |
|---|----------------------------------|-----------------------|-----------------------|-----------------------|
- Half filled, faintly darkened, ticked or crossed circles will be read as wrong answers by the optical scanner and will be marked as incorrect.
 - The OMR Answer Sheet must be handed over to the invigilator by the candidate before leaving the Examination Hall.
 - Keep OMR Sheet straight. Do not fold it.
 - All questions are compulsory, each question carries one mark.
 - Use of calculator/mobile/any electronic item/objectionable material is NOT permitted.

परीक्षा नियंत्रक

Controller of Examination

कृपया नोट करें कि अर्थ विभेद/दुविधा की स्थिति में अंग्रेजी में छपे प्रश्न को अंतिम माना जाएगा।

Please note that in case of any confusion, the question printed in English will be considered final.



56. Aaditya can make 50 cakes in 25 hours, Aaditya and Arnav together can make 75 cakes in 15 hours. How many cakes Arnav can make in 15 hours?
- 25
 - 45
 - 20
 - 10
56. आदित्य 25 घंटे में 50 केक बना सकते हैं, आदित्य और अर्णव मिलकर 15 घंटे में 75 केक बना सकते हैं। अर्णव 15 घंटे में कितने केक बना सकता है?
- 25
 - 45
 - 20
 - 10
57. If 7 spiders make 7 webs in 7 days, then 1 spider will make 1 web in how many days?
- 1
 - $\frac{7}{2}$
 - 7
 - 49
57. यदि 7 मकड़ियाँ 7 दिन में 7 जाले बनाती हैं तो 1 मकड़ी 1 जाला कितने दिनों में बनाएगी?
- 1
 - $\frac{7}{2}$
 - 7
 - 49
58. Which of the set of three sides can't form a triangle?
- 5 cm, 6 cm, 7 cm
 - 5 cm, 8 cm, 15 cm
 - 8 cm, 15 cm, 18 cm
 - 6 cm, 7 cm, 11 cm
58. तीन भुजाओं का कौन-सा समुच्चय त्रिभुज नहीं बना सकता?
- 5 सेमी, 6 सेमी, 7 सेमी
 - 5 सेमी, 8 सेमी, 15 सेमी
 - 8 सेमी, 15 सेमी, 18 सेमी
 - 6 सेमी, 7 सेमी, 11 सेमी
59. A point P lying inside a triangle is equidistant from the vertices of the triangle. Then the triangle has P as its:
- Centroid
 - Incentre
 - Orthocentre
 - Circumcentre
59. एक त्रिभुज के अंदर स्थित एक बिंदु P त्रिभुज के शीर्षों से समान दूरी पर है। तब त्रिभुज में P होता है:
- केन्द्रक
 - इनसेंटर
 - ऑर्थोसेंटर
 - सर्कमसेंटर
60. If angles of measure $(5y + 62^\circ)$ and $(22^\circ + y)$ are supplementary, then value of y is :
- 16°
 - 32°
 - 8°
 - 1°
60. यदि माप के कोण $(5y + 62^\circ)$ और $(22^\circ + y)$ संपूरक हैं, तो y का मान है:
- 16°
 - 32°
 - 8°
 - 1°

61. Choose the **correct** pair methods of sequence alignment?

- i. Brute force alignment
 - ii. Pairwise sequence alignment
 - iii. Dot matrix alignment
 - iv. Global versus local alignment
- a. i. and iv
 - b. ii and iv
 - c. i and iii
 - d. iii and iv

62. Find the statement which is **incorrect** to describe FASTA

- a. is a text-based format for representing either nucleotide sequences
- b. base pairs or amino acids are represented using singleletter codes
- c. begins with a single-line description, followed by lines of sequence data
- d. use to find insertion, deletion or substitution of a single character.

63. What are **correct** types of BLAST?

- a. BLASTN, TBLAST
- b. TBLASTN, BLASTX
- c. BLASTP, BLASTSN
- d. BLASTP, BLASTM

64. Correlate A to B **correct** pair given below;

- | A | B |
|-------------------------------|---|
| 1. Shotgun sequencing | i. process of identifying the locations of genes |
| 2. Next Generation sequencing | ii. used for Sequencing long DNA strands. |
| 3. Gene Annotation | iii. Illumina sequencing, pyrosequencing, |
| 4. PSIBLAST | iv. it incorporates elements of both pairwise and multiple sequences method |
- a. 1-i, 2-ii,3-iii, 4-iv
 - b. 1-ii, 2-iii, 3-i, 4-iv
 - c. 1-ii, 2-i, 3-iii, 4-iv
 - d. 1-iv, 2-iii, 3-ii, 4-i

61. अनुक्रम संरेखण की **सही** युग्म विधियाँ चुनें?

- i. पाशविक बल संरेखण
 - ii. जोड़ीदार अनुक्रम संरेखण
 - iii. डॉट मैट्रिक्स संरेखण
 - iv. वैश्विक बनाम स्थानीय संरेखण
- a. i और iv
 - b. ii और iv
 - c. i और iii
 - d. iii और iv

62. वह कथन खोजें जो FASTA का वर्णन करने के लिए गलत है

- a. न्यूक्लियोटाइड अनुक्रमों का प्रतिनिधित्व करने के लिए एक पाठ-आधारित प्रारूप है
- b. बेस पेयर या अमीनो एसिड को सिंगल-लेटर कोड का उपयोग करके दर्शाया जाता है
- c. एकल-पंक्ति विवरण के साथ शुरू होता है, उसके बाद अनुक्रम डेटा की पंक्तियाँ होती हैं
- d. किसी एकल वर्ण के सम्मिलन, विलोपन या प्रतिस्थापन को खोजने के लिए उपयोग करें

63. BLAST के **सही** प्रकार क्या हैं?

- a. BLASTN, TBLAST
- b. TBLASTN, BLASTX
- c. BLASTP, BLASTSN
- d. BLASTP, BLASTM

64. नीचे दिए गए A से B के **सही** युग्म को सहसम्बन्धित कीजिए;

- | A | B |
|---------------------------|---|
| 1. बन्दूक अनुक्रमण | i. जीन के स्थानों की पहचान करने की प्रक्रिया |
| 2. अगली पीढ़ी की अनुक्रमण | ii. लंबे डीएनए स्टैंड के अनुक्रमण के लिए उपयोग किया जाता है। |
| 3. जीन एनोटेशन | iii. इल्लुमिना अनुक्रमण पाइरोडिंग |
| 4. PSIBLAST | iv. इसमें जोड़ीदार और एकाधिक अनुक्रम विधि दोनों के तत्व शामिल हैं |
- a. 1-i, 2-ii,3-iii, 4-iv
 - b. 1-ii, 2-iii, 3-i, 4-iv
 - c. 1-ii, 2-i, 3-iii, 4-iv
 - d. 1-iv, 2-iii, 3-ii, 4-i

65. A researcher isolated a cell from group of virus and wants to study of protein expression, regulation, modification, and its function to analyze at molecular level. What are the best methods he should apply?
- Expression proteomics, Cell map proteomics
 - BLAST, FASTA
 - DNA Microarray, gene annotation
 - PyMol, RasMol, UCSF Chimera.
66. Which of the following is not a site on internet for alignment of sequence pairs?
- BLASTN
 - BCM Search Launcher
 - BLASTX
 - SIM
67. Which of the following is true regarding the assumptions in the method of constructing the Dayhoff scoring matrix?
- sites do not vary in their degree of mutability
 - it is assumed that each amino acid position is not mutable at all
 - it is assumed that each amino acid position is not equally mutable
 - it is assumed that each amino acid position is equally mutable
68. Which of the following is incorrect regarding sequence homology?
- Two sequences can homologous relationship even if have do not have common origin
 - When two sequences are descended from a common evolutionary origin, they are said to share homology
 - It is an important concept in sequence analysis
 - When two sequences are descended from a common evolutionary origin, they are said to have a homologous relationship
65. एक शोधकर्ता ने एक सेल को वायरस के समूह से अलग किया और आणविक स्तर पर विश्लेषण करने के लिए प्रोटीन अभिव्यक्ति, विनियमन, संशोधन और इसके कार्य का अध्ययन करना चाहता है। उसे कौन से सर्वोत्तम तरीके लागू करने चाहिए?
- एक्सप्रेशन प्रोटीओमिक्स, सेल मैप प्रोटीओमिक्स
 - BLAST, FASTA
 - DNA माइक्रोएरे, जीन एनोटेशन
 - PyMol, RasMol, UCSF Chimera
66. निम्नलिखित में से कौन सी अनुक्रम जोड़े के संरेखण के लिए इंटरनेट पर साइट नहीं है?
- BLASTN
 - BCM Search Launcher
 - BLASTX
 - SIM
67. डेहॉफ स्कोरिंग मैट्रिक्स के निर्माण की विधि में मान्यताओं के संबंध में निम्नलिखित में से कौन सा सत्य है?
- साइटें अपनी परिवर्तनशीलता की डिग्री में भिन्न नहीं होती हैं
 - यह माना जाता है कि प्रत्येक अमीनो एसिड की स्थिति बिल्कुल भी परिवर्तनशील नहीं है
 - यह माना जाता है कि प्रत्येक अमीनो एसिड की स्थिति समान रूप से परिवर्तनशील नहीं है
 - यह माना जाता है कि प्रत्येक अमीनो एसिड की स्थिति समान रूप से परिवर्तनशील है
68. अनुक्रम होमोलॉजी के संबंध में निम्नलिखित में से कौन सा गलत है?
- दो अनुक्रम समरूप संबंध हो सकते हैं, भले ही उनका मूल मूल न हो
 - जब दो अनुक्रम एक सामान्य विकासवादी मूल से उतरते हैं, तो उन्हें समरूपता साझा करने के लिए कहा जाता है
 - अनुक्रम विश्लेषण में यह एक महत्वपूर्ण अवधारणा है
 - जब दो अनुक्रम एक समान विकासवादी मूल से अवतरित होते हैं, तो उन्हें एक समजात संबंध कहा जाता है

69. The initial alignments used to produce the guide tree may be obtained by various methods. Which of the following is not one of them?
- pattern-finding approach similar
 - Faster, full dynamic programming method
 - FASTA
 - Fast k-tuple
70. Which of the following is not one of the requirements for implementing algorithms for sequence database searching?
- Speed
 - Sensitivity
 - Size of the dataset
 - Specificity
71. Which of the following is incorrect about SCOP?
- It is constructed almost entirely based on manual examination of protein structures
 - The proteins are grouped into hierarchies of classes, folds, superfamilies, and families
 - It is a database for comparing and classifying protein structures
 - The SCOP families consist of proteins having low sequence identity (>30%)
72. Which of the following statements concerning DNA sequencing is **incorrect**?
- The Sanger method is now used on a regular basis
 - This involves the construction of DNA chains of various lengths.
 - DNA polymerases aren't used in this method.
 - Dideoxynucleotides are used to stop DNA synthesis.
69. गाइड ट्री बनाने के लिए इस्तेमाल किए जाने वाले प्रारंभिक संरेखण विभिन्न तरीकों से प्राप्त किए जा सकते हैं। निम्नलिखित में से कौन उनमें से एक नहीं है?
- पैटर्न-खोज दृष्टिकोण समान
 - तेज, पूर्ण गतिशील प्रोग्रामिंग विधि
 - FASTA
 - Fast k-tuple
70. अनुक्रम डेटाबेस खोज के लिए एल्गोरिदम को लागू करने के लिए निम्नलिखित में से कौन सी आवश्यकताओं में से एक नहीं है?
- स्पीड
 - संवेदनशीलता
 - डेटासेट का आकार
 - विशिष्टता
71. SCOP के बारे में निम्नलिखित में से कौन सा गलत है?
- यह लगभग पूरी तरह से प्रोटीन संरचनाओं की मैनुअल परीक्षा के आधार पर बनाया गया है
 - प्रोटीन को वर्गों, सिलवटों, सुपरफैमिली और परिवारों के पदानुक्रमों में बांटा गया है
 - यह प्रोटीन संरचनाओं की तुलना और वर्गीकरण के लिए एक डेटाबेस है
 - SCOP परिवारों में कम अनुक्रम पहचान वाले प्रोटीन होते हैं (> 30%)
72. डीएनए अनुक्रमण के संबंध में निम्नलिखित में से कौन सा कथन **गलत** है?
- सैंगर पद्धति अब नियमित आधार पर प्रयोग की जाती है
 - इसमें विभिन्न लंबाई की डीएनए श्रृंखलाओं का निर्माण शामिल है
 - इस विधि में DNA पोलिमेरेज़ का उपयोग नहीं किया जाता है।
 - DNA संश्लेषण को रोकने के लिए Dideoxynucleotides का उपयोग किया जाता है।

73. Which of the following refers to the problem of finding abstracted patterns (or structures) in the unlabeled data?
- Unsupervised learning
 - Hybrid learning
 - Reinforcement learning
 - Supervised learning
74. Which of the following can be considered as the classification or mapping of a set or class with some predefined group or classes?
- Data set
 - Data Characterization
 - Data Sub Structure
 - Data Discrimination
75. The analysis performed to uncover the interesting statistical correlation between associated attributes value pairs are known as the _____.
- Mining of association
 - Mining of correlation
 - Mining of clusters
 - Both a and c
76. The classification of the data mining system involves:
- Database technology
 - Information Science
 - Machine learning
 - Sequence alignment
- i and iv
 - ii and iv
 - iii and iv
 - i and iii
77. Which of the following also used as the first step in the knowledge discovery process?
- Data selection
 - Data transformation
 - Data cleaning
 - Data integration
73. निम्नलिखित में से कौन लेबल रहित डेटा में अमूर्त पैटर्न (या संरचना) खोजने की समस्या को संदर्भित करता है?
- अनपर्यवेक्षित लर्निंग
 - हाइब्रिड लर्निंग
 - सुदृढीकरण सीखना
 - पर्यवेक्षित शिक्षण
74. निम्नलिखित में से किसे कुछ पूर्वनिर्धारित समूह या वर्गों के साथ एक सेट या वर्ग के वर्गीकरण या मानचित्रण के रूप में माना जा सकता है?
- डेटा सेट
 - डेटा विशेषता
 - डेटा उप संरचना
 - डेटा भेदभाव
75. संबद्ध गुण मान युग्मों के बीच दिलचस्प सांख्यिकीय सहसंबंध को उजागर करने के लिए किए गए विश्लेषण को _____ के रूप में जाना जाता है।
- एसोसिएशन का खनन
 - सहसंबंध का खनन
 - समूहों का खनन
 - दोनों a और c
76. डेटा माइनिंग सिस्टम के वर्गीकरण में शामिल हैं:
- डेटाबेस प्रौद्योगिकी
 - सूचना विज्ञान
 - मशीन लर्निंग
 - अनुक्रम संरेखण
- i और iv
 - ii और iv
 - iii और iv
 - i और iii
77. निम्नलिखित में से किसका उपयोग ज्ञान खोज प्रक्रिया में प्रथम चरण के रूप में भी किया जाता है?
- डेटा चयनकर्ता
 - डेटा परिवर्तन
 - डेटा सफाई
 - डेटा एकीकरण

78. Which of the following cannot be considered as the drawback of the query-Driven approach in data warehousing?

- a. This approach is expensive for queries that require aggregations
- b. This approach is expensive insufficient, and very frequent queries
- c. This approach requires a very complex integration and filtering process
- d. This approach requires less instrumentation and based on logarithms

79. The term "DMQL" stands for _____

- a. Data Marts Query Language
- b. Data Mining Query Language
- c. DBMiner Query Language
- d. Data Mining Query Logistics

80. In Data Warehousing, how many approaches are there for the integration of heterogeneous databases?

- a. 2
- b. 4
- c. 3
- d. 5

81. The correct order in which all sub-processes of data mining executes is

- a. Infrastructure, Exploration, Analysis, Interpretation, Exploitation
- b. Infrastructure, Exploration, Analysis, Exploitation, Interpretation
- c. Exploration, Interpretation, Infrastructure, Analysis, Exploitation
- d. Exploration, Infrastructure, Exploitation, Analysis, Interpretation

82. What is the length of a motif, in terms of amino acids residue?

- a. 30- 60
- b. 10- 20
- c. 70- 90
- d. 1- 10

78. निम्न में से किसे डेटा वेयरहाउसिंग में केरी-ड्रिवेन दृष्टिकोण की कमी के रूप में **नहीं** माना जा सकता है?

- a. यह दृष्टिकोण उन प्रश्नों के लिए महंगा है जिनके लिए एकीकरण की आवश्यकता होती है
- b. यह दृष्टिकोण महंगा अपर्याप्त है, और बहुत बार पूछे जाने वाले प्रश्न हैं
- c. इस दृष्टिकोण के लिए एक बहुत ही जटिल एकीकरण और फिल्टरिंग प्रक्रिया की आवश्यकता होती है
- d. इस दृष्टिकोण के लिए कम उपकरण की आवश्यकता होती है और लघुगणक पर आधारित होता है

79. "DMQL" शब्द _____ के लिए है

- a. डेटा मार्ट केरी भाषा
- b. डाटा माइनिंग केरी भाषा
- c. DBMiner केरी लैंग्वेज
- d. डेटा माइनिंग केरी लॉजिस्टिक्स

80. डेटा वेयरहाउसिंग में, विषम डेटाबेस के एकीकरण के लिए कितने दृष्टिकोण हैं?

- a. 2
- b. 4
- c. 3
- d. 5

81. डेटा माइनिंग की सभी उप-प्रक्रियाओं को निष्पादित करने का सही क्रम है;

- a. इंफ्रास्ट्रक्चर, अन्वेषण, विश्लेषण, व्याख्या, शोषण
- b. इंफ्रास्ट्रक्चर, अन्वेषण, विश्लेषण, शोषण, व्याख्या
- c. अन्वेषण, व्याख्या, बुनियादी ढांचा, विश्लेषण, शोषण
- d. अन्वेषण, आधारभूत संरचना, शोषण, विश्लेषण, व्याख्या

82. अमीनो एसिड अवशेषों के संदर्भ में एक आकृति की लंबाई क्या है?

- a. 30- 60
- b. 10- 20
- c. 70- 90
- d. 1- 10

83. Which of the following is false about the 'loop' structure in proteins?

- a. They connect helices and sheets
- b. They are more tolerant of mutations
- b. They are more flexible and can adopt multiple conformations
- d. They are never the components of active sites

84. Which of the common structural motifs are described incorrect?

- a. β -hairpin – adjacent antiparallel strands
- b. Greek key – 4 adjacent antiparallel strand
- c. β - α - β – 2 antiparallel strands connected by helix
- d. β - α - β – 2 parallel strands connected by helix

85. Which of the following is incorrect to describe protein domains?

- a. They are made up of one secondary structure
- b. Defined as independently foldable units
- c. They are stable structures as compared to motifs
- d. They are separated by linker regions

86. The protein structural motif domain- helix loop helix are contained by all of the following except _____

- a. Scleraxis
- b. Leucine zipper
- c. Transcription Factor 4
- d. Neurogenins

83. निम्नलिखित में से कौन प्रोटीन में 'लूप' संरचना के बारे में गलत है?

- a. वे हेलिक्स और चादरें जोड़ते हैं
- b. वे उत्परिवर्तन के प्रति अधिक सहिष्णु हैं
- c. वे अधिक लचीले होते हैं और कई अनुरूपण अपना सकते हैं
- d. वे कभी भी सक्रिय साइटों के घटक नहीं होते हैं

84. कौन से सामान्य संरचनात्मक रूपांकनों को गलत बताया गया है?

- a. β -हेयरपिन - आसन्न एंटीपैरेलल स्ट्रैंड्स
- b. ग्रीक कुंजी - 4 आसन्न एंटीपैरेलल स्ट्रैंड्स
- c. β - α - β - हेलिक्स द्वारा जुड़े 2 समानांतर समानांतर किस्में
- d. β - α - β - हेलिक्स द्वारा जुड़े 2 समानांतर किस्में

85. निम्नलिखित में से कौन प्रोटीन डोमेन का वर्णन करने के लिए गलत है?

- a. वे एक माध्यमिक संरचना से बने होते हैं
- b. स्वतंत्र रूप से फोल्ड करने योग्य इकाइयों के रूप में परिभाषित
- c. वे रूपांकनों की तुलना में स्थिर संरचनाएं हैं
- d. वे लिंकर क्षेत्रों द्वारा अलग किए जाते हैं

86. प्रोटीन स्ट्रक्चरल मोटिफ डोमेन- हेलिक्स लूप हेलिक्स _____ को छोड़कर निम्नलिखित सभी में निहित है

- a. स्क्लेरैक्सिस
- b. ल्यूसीन जिपर
- c. प्रतिलेखन कारक 4
- d. न्यूरोजेनिन

87. In the zinc finger, which residues in this sequence motif form ligands to a zinc ion?
- Cysteine and arginine
 - Cysteine and histidine
 - Histidine and proline
 - Histidine and arginine
88. Which of the following is **incorrect** about ENTREZ?
- It provides a series of forms that can be filled out to retrieve a Medline reference related to the molecular biology sequence databases
 - It provides a series of forms that can be filled out to retrieve a DNA or protein sequence
 - It is a resource prepared only by the staff of the National Center for Biotechnology Information
 - One straightforward way to access the sequence databases is through ENTREZ
89. The computational methodology that tries to find the best matching between two molecules, a receptor and ligand are called _____.
- Molecular fitting
 - Molecular matching
 - Molecular docking
 - Molecule affinity checking
90. The laboratory work using computers and associated with web-based analysis generally online is referred to as _____.
- In silico
 - Dry lab
 - Wet lab
 - Molecular docking

87. जिंक फिंगर में, इस क्रम में कौन से अवशेष जिंक आयन के लिए लिगैंड बनाते हैं?
- सिस्टीन और आर्जिनिन
 - सिस्टीन और हिस्टिडीन
 - हिस्टिडीन और प्रोलाइन
 - हिस्टिडीन और आर्जिनिन
88. निम्नलिखित में से कौन ENTREZ के बारे में **गलत** है?
- यह फॉर्म की एक श्रृंखला प्रदान करता है जिसे आणविक जीव विज्ञान अनुक्रम डेटाबेस से संबंधित मेडलाइन संदर्भ को पुनः प्राप्त करने के लिए भरा जा सकता है।
 - यह रूपों की एक श्रृंखला प्रदान करता है जिसे डीएनए या प्रोटीन अनुक्रम को पुनः प्राप्त करने के लिए भरा जा सकता है
 - यह केवल राष्ट्रीय जैव प्रौद्योगिकी सूचना केंद्र के कर्मचारियों द्वारा तैयार किया गया संसाधन है
 - अनुक्रम डेटाबेस तक पहुँचने का एक सीधा तरीका ENTREZ के माध्यम से है
89. कम्प्यूटेशनल कार्यप्रणाली जो दो अणुओं, एक रिसेप्टर और लिगैंड के बीच सबसे अच्छा मिलान खोजने की कोशिश करती है, _____ कहलाती है।
- आणविक फिटिंग
 - आणविक मिलान
 - आणविक डॉकिंग
 - अणु आत्मीयता जाँच
90. कंप्यूटर का उपयोग करते हुए और वेब-आधारित विश्लेषण से जुड़े प्रयोगशाला के काम को आम तौर पर ऑनलाइन _____ कहा जाता है।
- ईन सिलिको
 - सूखी प्रयोगशाला
 - वेट लैब
 - आणविक डॉकिंग

91. Which of the following statements concerning genomic mapping is incorrect?
- It doesn't lead to the comprehension of a genome structure
 - It helps determine the relative positions of genes.
 - It entails identifying characteristics.
 - It helps identifying mutations
92. Which of the following statements concerning DNA sequencing is incorrect?
- The Sanger method is now used on a regular basis
 - DNA polymerases aren't used in this method.
 - This involves the construction of DNA chains of various lengths.
 - Dideoxynucleotides are used to stop DNA synthesis.
93. Which of the following statements about MAGPIE is incorrect?
- It uses a series of automated processes to analyse the genome.
 - It's made for high-throughput genomic sequence analysis.
 - It can't seem to find any suitable promoters.
 - In response to user inquiries about one or more genomes, it intelligently annotates genomic sequence data and keeps a daily up-to-date record.

91. जीनोमिक मैपिंग के संबंध में निम्नलिखित में से कौन सा कथन गलत है?
- यह जीनोम संरचना की समझ की ओर नहीं ले जाता है
 - यह जीन की सापेक्ष स्थिति निर्धारित करने में मदद करता है।
 - इसमें विशेषताओं की पहचान करना शामिल है।
 - यह म्यूटेशन की पहचान करने में मदद करता है
92. डीएनए अनुक्रमण के संबंध में निम्नलिखित में से कौन सा कथन गलत है?
- सेंगर पद्धति अब नियमित आधार पर प्रयोग की जाती है
 - इस विधि में DNA पोलिमेरेज़ का उपयोग नहीं किया जाता है।
 - इसमें विभिन्न लंबाई की डीएनए श्रृंखलाओं का निर्माण शामिल है।
 - DNA संश्लेषण को रोकने के लिए Dideoxynucleotides का उपयोग किया जाता है।
93. मैगपाई के बारे में निम्नलिखित में से कौन सा कथन गलत है?
- यह जीनोम का विश्लेषण करने के लिए स्वचालित प्रक्रियाओं की एक श्रृंखला का उपयोग करता है।
 - यह उच्च-श्रृंखला जीनोमिक अनुक्रम विश्लेषण के लिए बनाया गया है।
 - ऐसा लगता है कि कोई उपयुक्त प्रमोटर नहीं मिल रहा है।
 - एक या एक से अधिक जीनोम के बारे में उपयोगकर्ता की पूछताछ के जवाब में, यह समझदारी से जीनोमिक अनुक्रम डेटा को एनोटेट करता है और दैनिक अप-टू-डेट रिकॉर्ड रखता है।

94. Which of the following is not an advantage of statistical model's methods in analyzing protein motif?
- sequence information is preserved from multiple sequence alignment and express it with probabilistic models.
 - statistical models allow partial matches and compensate for unobserved sequence pattern using pseudo count.
 - the comparative flexibility is less in case of these methods when compared to regular expressions method
 - statistical models have stronger predictive power than the regular expression based approach, even when they are derived from a limited set of sequences.
95. For motif scanning which of the following programs or databases is for regulated sites curated from scientific literature?
- ORegAnno
 - ENSEMBL
 - MAST
 - Clover
96. Which of the following is not an advantageous feature or algorithm of the database PRINTS?
- This program breaks down a motif into even smaller non-overlapping units called 'fingerprints', which are represented by unweighted PSSMs
 - To define a motif, at least a majority of fingerprints are required to match with a query sequence
 - A query that has simultaneous high-scoring matches to a majority of fingerprints belonging to a motif is a good indication of containing the functional motif
 - The difficulty to recognize short motifs when they reach the size of single fingerprints
94. प्रोटीन आकृति के विश्लेषण में सांख्यिकीय मॉडल के तरीकों का निम्नलिखित में से कौन सा लाभ नहीं है?
- अनुक्रम जानकारी को कई अनुक्रम संरेखण से संरक्षित किया जाता है और इसे संभाव्य मॉडल के साथ व्यक्त किया जाता है।
 - सांख्यिकीय मॉडल आंशिक मिलान की अनुमति देते हैं और छद्म गणना का उपयोग करके बिना देखे गए अनुक्रम पैटर्न के लिए क्षतिपूर्ति करते हैं।
 - रेगुलर एक्सप्रेशन विधि की तुलना में इन विधियों के मामले में तुलनात्मक लचीलापन कम है
 - सांख्यिकीय मॉडल में नियमित अभिव्यक्ति आधारित दृष्टिकोण की तुलना में अधिक मजबूत भविष्य कहनेवाला शक्ति होती है, तब भी जब वे अनुक्रमों के सीमित सेट से प्राप्त होते हैं।
95. मोटिफ स्कैनिंग के लिए निम्नलिखित में से कौन सा प्रोग्राम या डेटाबेस वैज्ञानिक साहित्य से क्यूरेट की गई विनियमित साइटों के लिए है?
- ORegAnno
 - ENSEMBL
 - MAST
 - Clover
96. निम्नलिखित में से कौन डेटाबेस PRINTS की एक लाभप्रद विशेषता या एल्गोरिथम नहीं है?
- यह कार्यक्रम एक आकृति को 'फिंगरप्रिंट' नामक छोटी गैर-अतिव्यापी इकाइयों में भी तोड़ देता है, जो बिना भार वाले पीएसएसएम द्वारा दर्शाए जाते हैं
 - एक आदर्श को परिभाषित करने के लिए, क्लेरी अनुक्रम से मेल खाने के लिए कम से कम अधिकांश फिंगरप्रिंट की आवश्यकता होती है
 - एक प्रश्न जिसमें एक मोटिफ से संबंधित अधिकांश फिंगरप्रिंट के साथ-साथ उच्च-स्कोरिंग मिलान होते हैं, कार्यात्मक रूपांकनों को शामिल करने का एक अच्छा संकेत है
 - लघु रूपांकनों को पहचानने में कठिनाई जब वे एकल उंगलियों के निशान के आकार तक पहुंच जाते हैं

97. Which of the following is incorrect in case of the database BLOCKS?

- a. The alignments are automatically generated using the same data sets used for deriving the BLOSUM matrices
- b. The functional annotation of blocks is not consistent with that for the motifs
- c. A weighting scheme and pseudo counts are subsequently applied to the PSSMs to account for under represented and unobserved residues in alignments
- d. The derived ungapped alignments are called 'blocks', which are usually longer than motifs, are subsequently converted to PSSMs

98. Which of the following is false in case of the database SMART and its algorithm?

- a. Alignments are further checked but not refined by human annotators before HMM profile construction
- b. Alignments in the database are built based on tertiary structures whenever available or based on PSI-BLAST profiles
- c. Contains HMM profiles constructed from manually refined protein domain alignments
- d. SMART stands for Simple Modular Architecture Research Tool

97. डेटाबेस ब्लॉक के मामले में निम्नलिखित में से कौन सा गलत है?

- a. BLOSUM मैट्रिसेस प्राप्त करने के लिए उपयोग किए गए समान डेटासेट का उपयोग करके संरेखण स्वचालित रूप से उत्पन्न होते हैं
- b. ब्लॉकों का कार्यात्मक एनोटेशन रूपांकनों के अनुरूप नहीं है
- c. संरेखण में कम प्रतिनिधित्व वाले और बिना देखे गए अवशेषों को ध्यान में रखने के लिए बाद में पीएसएसएम पर एक भार योजना और छद्म गणना लागू की जाती है
- d. व्युत्पन्न अनकैप्ड संरेखण को 'ब्लॉक' कहा जाता है, जो आमतौर पर रूपांकनों से अधिक लंबे होते हैं, बाद में पीएसएसएम में परिवर्तित हो जाते हैं

98. डेटाबेस SMART और उसके एल्गोरिथम के मामले में निम्नलिखित में से कौन सा गलत है?

- a. HMM प्रोफाइल निर्माण से पहले संरेखण की जांच की जाती है लेकिन मानव व्याख्याकारों द्वारा परिष्कृत नहीं किया जाता है
- b. डेटाबेस में संरेखण जब भी उपलब्ध हो या पीएसआई-ब्लास्ट प्रोफाइल के आधार पर तृतीयक संरचनाओं के आधार पर बनाया जाता है
- c. मैनुअल रूप से परिष्कृत प्रोटीन डोमेन संरेखण से निर्मित एचएमएम प्रोफाइल शामिल हैं
- d. S M A R T का मतलब सिंपल मॉड्यूलर आर्किटेक्चर रिसर्च टूल है

99. Which of the following is false in case of the database InterPro and its algorithm?
- InterPro is an integrated pattern database designed to unify multiple databases for protein domains and functional sites
 - This database integrates information from PROSITE, Pfam, PRINTS, ProDom, and SMART databases
 - Only overlapping motifs and domains in a protein sequence derived by all five databases are included
 - All the motifs and domains in a protein sequence derived by all five databases are included

100. Point out the wrong or irrelevant mathematical method in motif analysis.
- Enumeration
 - Probabilistic Optimization
 - Literature mining
 - Deterministic Optimization

101. Correlate A to B given below tools and its uses available for gene finding

A	B
1. GeneMark	i. a graphical analysis tool which finds all open reading frames
2. Geneparser	ii. finding genes in microbial DNA
3. GLIMMER	iii. Parse a DNA sequence into introns and exons
4. ORF FINDER	iv. Family of gene prediction programs

- 1-ii, 2-iv, 3-i, 4-iii
- 1-iv, 2-i, 3-ii, 4-iii
- 1-iv, 2-iii, 3-ii, 4-i
- 1-i, 2-iii, 3-ii, 4-iv

99. डेटाबेस इंटरप्रो और इसके एल्गोरिथम के मामले में निम्नलिखित में से कौन सा गलत है?

- इंटरप्रो एक एकीकृत पैटर्न डेटाबेस है जिसे प्रोटीन डोमेन और कार्यात्मक साइटों के लिए कई डेटाबेस को एकीकृत करने के लिए डिज़ाइन किया गया है
- यह डेटाबेस PROSITE, Pfam, PRINTS, ProDom और SMART डेटाबेस से जानकारी को एकीकृत करता है
- सभी पांच डेटाबेस द्वारा प्राप्त प्रोटीन अनुक्रम में केवल अतिव्यापी रूपांकनों और डोमेन शामिल हैं
- सभी पांच डेटाबेस द्वारा प्राप्त प्रोटीन अनुक्रम में सभी रूपांकनों और डोमेन शामिल हैं

100. आकृति विश्लेषण में गलत या अप्रासंगिक गणितीय पद्धति को इंगित करें।

- गणना
- संभाव्य अनुकूलन
- साहित्य खनन
- नियतात्मक अनुकूलन

101. नीचे दिए गए उपकरणों और जीन खोज के लिए उपलब्ध उपयोगों के लिए ए से बी को सहसंबंधित करें

A	B
1. GeneMark	i. एक ग्राफिकल विश्लेषण उपकरण है जो सभी खुले पठन फ्रेमों को ढूँढता है
2. Geneparser	ii. माइक्रोबियल डीएनए में जीन ढूँढना
3. GLIMMER	iii. DNA अनुक्रम को इंट्रॉन और एक्सॉन में पार्स करें
4. ORF FINDER	iv. जीन भविष्यवाणी कार्यक्रमों का परिवार

- 1-ii, 2-iv, 3-i, 4-iii
- 1-iv, 2-i, 3-ii, 4-iii
- 1-iv, 2-iii, 3-ii, 4-i
- 1-i, 2-iii, 3-ii, 4-iv

102. What are the sequence submission tools?

1. BankIt, Sequin for GenBank
2. Sakura for DDBJ
3. Pfam for TrEMBL
4. Webin for EMBL
5. TaKara for PubMed

- a. 1,2,5
- b. 2,4,5
- c. 3,4,5
- d. 1,2,4

103. Which one method is not used for alignment of pair of sequence?

- a. Needleman-wunsch algorithm
- b. Smith-waterman algorithm
- c. Robertian algorithm
- d. Dotplot

104. Find out correct statement about Multiple Sequence Alignment (MSA).

- a. MSA is a biological sequence used for local aligned sequence
- b. MSA is used to assess sequence non conservation of protein domains, tertiary and secondary structures.
- c. Multiple sequence alignment of single biological sequence, generally protein or DNA.
- d. MSA is a tool to determine levels of homology and phylogeny, hence from the members of globally related sequence.

102. अनुक्रम प्रस्तुत करने के उपकरण क्या हैं?

1. BankIt, GenBank के लिए Sequin
2. DDBJ . के लिए Sakura
3. TrEMBL . के लिए Pfam
4. EMBL के लिए WebIn
5. PubMed के लिए TaKara

- a. 1,2,5
- b. 2,4,5
- c. 3,4,5
- d. 1,2,4

103. अनुक्रम युग्म के संरेखण के लिए किस एक विधि का उपयोग नहीं किया जाता है?

- a. नीडलमैन-वुन्श एल्गोरिथम
- b. स्मिथ-वाटरमैन एल्गोरिथम
- c. रॉबर्टियन एल्गोरिथम
- d. डॉटप्लॉट

104. बहु अनुक्रम संरेखण के बारे में सही कथन का पता लगाएं (MSA).

- a. MSA एक जैविक अनुक्रम है जिसका उपयोग स्थानीय संरेखित अनुक्रम के लिए किया जाता है
- b. एमएसए का उपयोग प्रोटीन डोमेन, तृतीयक और माध्यमिक संरचनाओं के अनुक्रम गैर संरक्षण का आकलन करने के लिए किया जाता है।
- c. एकल जैविक अनुक्रम के एकाधिक अनुक्रम संरेखण, आमतौर पर प्रोटीन या डीएनए।
- d. MSA समरूपता और फ़ाइलोजेनी के स्तर को निर्धारित करने के लिए एक उपकरण है, इसलिए विश्व स्तर पर संबंधित अनुक्रम के सदस्यों से

105. Which of the following statements about Cluster of Orthologous Groups(COG) is incorrect regarding its features?
- It is a protein family database based on structural classification.
 - It is constructed by comparing protein sequences encoded in forty-three completely sequenced genomes, which are mainly from prokaryotes, representing thirty major phylogenetic lineages.
 - The interface for sequence searching in the COG database is the COGnitor program, which is based on gapped BLAST.
 - Currently, there are 4,873 clusters in the COG databases derived from unicellular organisms.

106. Which of the following statements about InterPro is incorrect regarding its features?
- Protein relatedness is defined by the P-values from the BLASTalignments
 - The most closely related sequences are grouped into the lowest level clusters
 - More distant protein groups are merged into higher levels of clusters
 - The outcome of this cluster merging is a tree-like structure of functional categories

105. ऑर्थोलॉगस ग्रुप्स (COG) के क्लस्टर के बारे में निम्नलिखित में से कौन सा कथन इसकी विशेषताओं के बारे में गलत है?
- यह संरचनात्मक वर्गीकरण पर आधारित एक प्रोटीन परिवार डेटाबेस है।
 - इसका निर्माण तैंतालीस पूरी तरह से अनुक्रमित जीनोम में एन्कोडेड प्रोटीन अनुक्रमों की तुलना करके किया गया है, जो मुख्य रूप से प्रोकैरियोट्स से हैं, जो तीस प्रमुख फ़ाइलोजेनेटिक वंशावली का प्रतिनिधित्व करते हैं।
 - COG डेटाबेस में अनुक्रम खोज के लिए इंटरफ़ेस COGnitor प्रोग्राम है, जो गैप्ड BLAST पर आधारित है।
 - वर्तमान में, एककोशीय जीवों से प्राप्त COG डेटाबेस में 4,873 क्लस्टर हैं।

106. इंटरप्रो के बारे में निम्नलिखित में से कौन सा कथन इसकी विशेषताओं के संबंध में गलत है?
- प्रोटीन संबंधितता को ब्लास्ट संरेखण से पी-मानों द्वारा परिभाषित किया गया है
 - सबसे निकट से संबंधित अनुक्रमों को निम्नतम स्तर के समूहों में बांटा गया है
 - अधिक दूर के प्रोटीन समूहों को उच्च स्तर के समूहों में मिला दिया जाता है
 - इस क्लस्टर विलय का परिणाम कार्यात्मक श्रेणियों की एक पेड़ जैसी संरचना है

107. Which of the following statements about SCOP is incorrect regarding its features?

- Proteins with the same shapes but having little sequence or functional similarity are placed in different super families, and are assumed to have only a very distant common ancestor
- Proteins having the same shape and some similarity of sequence and/or function are placed in 'families', and are assumed to have a closer common ancestor
- SCOP was created in 1994 in the Centre of Protein Engineering and the University College London
- It aims to determine the evolutionary relationship between proteins.

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

- Uniprot
- Protein Data Bank
- Ensemble
- InterPro

109. Which of the following statements about SUPERFAMILY database is incorrect regarding its features?

- Sequences can be submitted raw or FASTA format
- Sequences must be submitted in FASTA format only
- It searches the database using a superfamily, family, or speciesname plus a sequence, SCOP, PDB or HMM ID's
- It has generated GO annotations for evolutionarily closed domains and distant domains.

107. एससीओपी के बारे में निम्नलिखित में से कौन सा कथन इसकी विशेषताओं के संबंध में गलत है?

- समान आकार वाले लेकिन कम अनुक्रम या कार्यात्मक समानता वाले प्रोटीन अलग-अलग सुपर परिवारों में रखे जाते हैं, और यह माना जाता है कि उनका केवल एक बहुत दूर का सामान्य पूर्वज है
- समान आकार और अनुक्रम और/या कार्य की कुछ समानता वाले प्रोटीन को 'परिवारों' में रखा जाता है, और माना जाता है कि उनका एक समान पूर्वज है
- SCOP 1994 में सेंटर ऑफ प्रोटीन इंजीनियरिंग और यूनिवर्सिटी कॉलेज लंदन में बनाया गया था
- इसका उद्देश्य प्रोटीन के बीच विकासवादी संबंध को निर्धारित करना है।

108. SCOP और CATH में प्रोटीन संरचनाओं का स्रोत क्या है?

- यूनिप्रोट
- प्रोटीन डाटा बैंक
- पहनावा
- इंटरप्रो

109. सुपरफैमिली डेटाबेस के बारे में निम्नलिखित में से कौन सा कथन इसकी विशेषताओं के संबंध में गलत है?

- अनुक्रम कच्चे या FASTA प्रारूप में प्रस्तुत किए जा सकते हैं
- अनुक्रम केवल FASTA प्रारूप में प्रस्तुत किए जाने चाहिए
- यह एक सुपरफैमिली, परिवार, या प्रजाति के नाम के साथ-साथ एक अनुक्रम, SCOP, PDB या HMM ID'S का उपयोग करके डेटाबेस की खोज करता है
- इसने क्रमिक रूप से बंद डोमेन और दूर के डोमेन के लिए GO एनोटेशन तैयार किया है।

110. Which of the following statements about CATH-Gene3D and HAMAP databases is incorrect regarding its features?
- CATH-Gene3D describes protein families and domain architectures in complete genomes
 - HAMAP stands for High-quality Automated and Manual Annotation of microbial Proteomes
 - HAMAP profiles are manually created by expert curators they identify proteins that are part of well-conserved bacterial, archaeal and plastid-encoded proteins families or subfamilies.
 - In CATH-Gene3D the functional annotation is provided to proteins from single resource
111. Which of the following statement is true about SCOP?
- It is primary database
 - It is nucleotide sequence database
 - SCOP database is a hierarchical classification of protein 2
 - Domain structures
112. A researcher found multicellular organism's tissue affected from chronic pathogen. He/she isolated specified protein that triggers pathogenicity, which of the database help them to find protein structure ?
- GenBank
 - PDB
 - DDBJ
 - Swiss-Prot
113. All are nucleotide sequence databases except;
- DDBJ
 - EMBL
 - SwissProt
 - GenBank
110. CATH-Gene3D और HAMAP डेटाबेस के बारे में निम्नलिखित में से कौन सा कथन इसकी विशेषताओं के संबंध में गलत है?
- CATH-Gene3D संपूर्ण जीनोम में प्रोटीन परिवारों और डोमेन आर्किटेक्चर का वर्णन करता है
 - HAMAP माइक्रोबियल प्रोटीन के उच्च गुणवत्ता वाले स्वचालित और मैनुअल एनोटेशन के लिए खड़ा है
 - HAMAP प्रोफाइल विशेषज्ञ क्यूरेटर द्वारा मैनुअल रूप से बनाए जाते हैं, वे प्रोटीन की पहचान करते हैं जो अच्छी तरह से संरक्षित बैक्टीरिया, पुरातन और प्लास्टिड-एन्कोडेड प्रोटीन परिवारों या उप-परिवारों का हिस्सा हैं।
 - CATH-Gene3D में एकल संसाधन से प्रोटीन कोकार्यात्मक एनोटेशन प्रदान किया जाता है
111. एससीओपी के बारे में निम्नलिखित में से कौन सा कथन सत्य है?
- यह प्राथमिक डेटाबेस है
 - यह न्यूक्लियोटाइड अनुक्रम डेटाबेस है
 - SCOP डेटाबेस प्रोटीन 2D डोमेन संरचनाओं का एक श्रेणीबद्ध वर्गीकरण है
 - संरचनात्मक डेटाबेस, जो संरचनात्मक और विकासवादी संबंधों की पहचान करता है
112. एक शोधकर्ता ने बहुकोशिकीय जीवों के ऊतकों को क्रोनिक पैथोजन से प्रभावित पाया। उन्होंने विशिष्ट प्रोटीन को अलग किया जो रोगजनकता को ट्रिगर करता है, कौन सा डेटाबेस उन्हें प्रोटीन संरचना खोजने में मदद करता है?
- GenBank
 - PDB
 - DDBJ
 - Swiss-Prot
113. सभी न्यूक्लियोटाइड अनुक्रम डेटाबेस हैं सिवाय;
- DDBJ
 - EMBL
 - Swiss-Prot
 - GenBank

114. Which of the following is the search and retrieval tool of NCBI?

- a. Entrez
- b. SRS
- c. Seqin
- d. SAKURA

115. Which of the following is a metabolic database?

- a. PIR
- b. PDB
- c. KEGG
- d. OMIM

116. Which of the following database help to researcher to find literature databases include

- a. MEDLINE and PDB
- b. MEDLINE and PubMed
- c. PubMed and PDB
- d. MEDLINE and PDS

117. STAG is maintained by which of the following database?

- a. Brookhaven laboratory
- b. DNA database of Japan (DDBJ)
- c. European Molecular Biology laboratory (EMBL)
- d. National Centre for Biotechnology Information (NCBI)

118. FlyBase is used for which of the following category?

- a. Biodiversity database
- b. Biomarker database
- c. Model organism database
- d. literature database

114. निम्नलिखित में से कौन एनसीबीआई का खोज और पुनर्प्राप्ति उपकरण है?

- a. Entrez
- b. SRS
- c. Seqin
- d. SAKURA

115. निम्नलिखित में से कौन एक मेटाबोलिक डेटाबेस है?

- a. PIR
- b. PDB
- c. KEGG
- d. QMIM

116. निम्नलिखित में से कौन सा डेटाबेस शोधकर्ता को साहित्य डेटाबेस खोजने में मदद करता है:

- a. MEDLINE और PDB
- b. MEDLINE और PubMed
- c. PubMed और PDB
- d. MEDLINE और PDS

117. STAG का रखरखाव निम्नलिखित में से किस डेटाबेस द्वारा किया जाता है?

- a. ब्रुकहेवन प्रयोगशाला
- b. जापान का डीएनए डेटाबेस (DDBJ)
- c. यूरोपीय आणविक जीवविज्ञान प्रयोगशाला (EMBL)
- d. राष्ट्रीय जैव प्रौद्योगिकी सूचना केंद्र (NCBI)

118. फ्लाईबेस का प्रयोग निम्नलिखित में से किस कैटेगरी के लिए किया जाता है ?

- a. जैव विविधता डेटाबेस
- b. बायोमार्कर डेटाबेस
- c. मॉडल जीव डेटाबेस
- d. साहित्य डेटाबेस

119. Which of the given statements is incorrect about Block multiple sequence alignment format?

- Identification starts contain a short identifier for the group of sequences from which the block was made and often is the original Prosite group ID
- The block number is a 5-digit number preceded by BL (BLOCKS database) or PR (PRINTS database)
- AC contains the block number, a seven-character group number for sequences from which the block was made, followed by a letter (A–Z) indicating the order of the block in the sequences
- The identifier is terminated by a comma, and "BLOCK" indicates the entry type

120. Which of the given statements is incorrect about Database Types?

- Relational databases are more useful in the development of biological databases
- The tables in relational database are carefully indexed and cross-referenced with each other, sometimes using additional tables, so that each item in the database has a unique set of identifying features
- The relational database orders data in tables made up of rows giving specific items in the database, and columns giving the features as attributes of those items
- The two principal types of DBs are the relational and object-oriented databases

119. ब्लॉक मल्टीपल सीक्वेंस अलाइनमेंट फॉर्मेट के बारे में दिए गए कथनों में से कौन सा गलत है?

- पहचान प्रारंभ में अनुक्रमों के समूह के लिए एक छोटा पहचानकर्ता होता है जिससे ब्लॉक बनाया गया था और अक्सर मूल प्रोसाइट समूह आईडी होता है
- ब्लॉक नंबर BL (BLOCKS डेटाबेस) या PR (PRINTS डेटाबेस) से पहले की 5 अंकों की संख्या है।
- एसी में ब्लॉक नंबर होता है, अनुक्रमों के लिए एक सात-वर्ण समूह संख्या जिसमें से ब्लॉक बनाया गया था, उसके बाद एक अक्षर (ए-जेड) अनुक्रम में ब्लॉक के क्रम को दर्शाता है
- पहचानकर्ता को अल्पविराम द्वारा समाप्त किया जाता है, और "ब्लॉक" प्रविष्टि प्रकार को इंगित करता है

120. डेटाबेस प्रकारों के बारे में दिए गए कथनों में से कौन सा गलत है?

- जैविक डेटाबेस के विकास में संबंधपरक डेटाबेस अधिक उपयोगी होते हैं
- रिलेशनल डेटाबेस में तालिकाओं को सावधानीपूर्वक अनुक्रमित किया जाता है और एक-दूसरे के साथ क्रॉस-रेफरेंस किया जाता है, कभी-कभी अतिरिक्त तालिकाओं का उपयोग किया जाता है, ताकि डेटाबेस में प्रत्येक आइटम की पहचान सुविधाओं का एक अनूठा सेट हो
- रिलेशनल डेटाबेस डेटाबेस में विशिष्ट आइटम देने वाली पंक्तियों से बनी तालिकाओं में डेटा ऑर्डर करता है, और कॉलम उन आइटम की विशेषताओं के रूप में सुविधाएँ देते हैं
- दो प्रमुख प्रकार के DB रिलेशनल और ऑब्जेक्ट-ओरिएंटेड डेटाबेस हैं

SPACE FOR ROUGH WORK

SPACE FOR ROUGH WORK