

ATCGTA CCG 4250923

94081

B.Sc. 5th Semester (New Scheme) Examination,  
December-2015

BIOTECH

Paper-BT-501

Bioinformatics

Time allowed : 3 hours ] [ Maximum marks : 40

*Note : Q. No. 1 is compulsory. Students are required to attempt four other questions, selecting one question from each unit.*

नोट : प्रश्न सं. 1 अनिवार्य है। विद्यार्थियों को प्रत्येक इकाई से एक प्रश्न चुनते हुए चार अन्य प्रश्न करने की आवश्यकता है।

1. Attempt all questions : 1×10=10
- ~~(a)~~ Expand PDB.
  - ~~(b)~~ What is Phylogenetic analysis ?
  - (c) Define gap penalty.
  - ~~(d)~~ What is PAM ?
  - (e) Name any two protein sequence database.
  - ~~(f)~~ What is multiple sequence alignment ?
  - (g) Name one gene identification tool.
  - (h) What is PCR ?
  - (i) Name one tool for detecting open reading frames.
  - (j) Name sequence data retrieval tool present at EMBL.

94081-P-4-Q-9 (15)

[P.T.O.]

William R. Pearson

INSDC

(2)

94081

सभी प्रश्न कीजिए :

1×10=10

- (क) PDB को विस्तारित कीजिए।
- (ख) फाइलोजेनेटिक विश्लेषण क्या है ?
- (ग) अंतराल दण्ड को परिभाषित कीजिए।
- (घ) PAM क्या है ?
- (ङ) किन्हीं दो प्रोटीन अनुक्रम डाटाबेस के नाम बताइए।
- (च) बहु अनुक्रम संरेखण क्या है ?
- (छ) एक जीन पहचान उपकरण का नाम बताइए।
- (ज) PCR क्या है ?
- (झ) खुले रीडिंग फ्रेम्स का पता लगाने के लिए एक उपकरण का नाम बताइए।
- (ञ) EMBL पर उपस्थित अनुक्रम आँकड़ा पुनःप्राप्ति उपकरण का नाम बताइए।

Unit-I

इकाई-I

- 2. Describe Entrez in detail and its link to different databases at NCBI. 7½

एन्ट्रेज़ तथा NCBI पर इसके विभिन्न डाटाबेसों से सम्बन्ध का विस्तृत वर्णन कीजिए। 7½

94081

(3)

94081

- 3. Explain the sequence submission tool used at Genbank. NCBI. 7½
- जेनबैंक, NCBI पर प्रयुक्त अनुक्रम अनुवर्तन उपकरण की व्याख्या कीजिए। 7½

Unit-II

इकाई-II

- 4. Write short note on : 7½
    - (a) TrEMBL
    - (b) PDB
- संक्षिप्त टिप्पणियां लिखिए : 7½
- (क) TrEMBL
  - (ख) PDB
- 5. What are the bioinformatics problems that are generated by data generation techniques ? 7½

आँकड़ा उत्पादन तकनीकों द्वारा जनित बायोइन्फॉर्मेटिक्स समस्याएं क्या हैं ? 7½

Unit-III

इकाई-III

- 6. Enlist the pairwise methods used for comparing protein sequences. Explain any one method. 7½
- प्रोटीन अनुक्रम की तुलना करने के लिए प्रयुक्त युग्मवार विधियों को सूचीबद्ध कीजिए। 7½

94081

[P.T.O.]

*Handwritten notes:*  
<http://pdb-009.pdb/files/4hhb.pdb.gz>  
 B. BMRB

7. ClustalW is global alignment program for DNA or protein sequence data. Explain with example. 7½

क्लस्टल डब्ल्यू. डी.एन.ए. अथवा प्रोटीन अनुक्रम आँकड़े के लिए वैश्विक संरेखण कार्यक्रम है। उदाहरण सहित व्याख्या कीजिए। 7½

#### Unit-IV

#### इकाई-IV

8. FASTA is global alignment tool for finding homology between the closely related organisms. Justify. 7½

FASTA घात घात संबंधित जीवों के बीच सादृश्यता जात करने के लिए वैश्विक संरेखण उपकरण है। पुष्टि कीजिए। 7½

9. Give a detail account of gene identification tools. 7½

जीन पहचान उपकरणों का एक विस्तृत विवरण दीजिए। 7½

*Mutual region  
Unit IV 2002*