

Ph.D Entrance Test 2022

पेपर/विषय का नाम Name of the Paper/Subject	COMPUTATIONAL BIOLOGY & BIOINFORMATICS	पेपर/विषय का कोड Paper/Subject Code	051022
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. **N^o 300080**

समय: 2:00 घंटा

अधिकतम अंक: 100

Time: 2: 00 Hours

Maximum Marks: 100

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 100 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 करे/रंगे।
- 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"/>	b	c	d
---	----------------------------------	---	---	---
- 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 100 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"/>	b	c	d
---	----------------------------------	---	---	---
- 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.

51. Which of the following is NOT the property of non-random sampling data from a population?
- Probability of selecting each member of the population is equal
 - The sampled data does not contain items representative of the entire population
 - Models developed on sampled data cannot be extended to the whole population
 - Estimation of the population parameters can be done

52. PHYLIP is used to find the evolutionary relationships between different organisms. The full form of PHYLIP is
- a synonym for phylogeny analysis
 - phylogeny editing program
 - phylogeny interference package
 - a type of bioinformatics programming language

53. Which of the following would you use if you were required to search the protein data bank (PDB) to find entries for every protein encoded by the genes found on homosapiens chromosomal number 13?
- Source organism browser
 - SCOP browser
 - Biological process browser
 - Genome location browser

54. Which structural classification database is interfaced with the structure alignment of the protein (SSAP) programme?
- SCOP
 - CATH
 - FSSP
 - HSSP

55. The secondary structure of proteins is assigned using the DSSP approach based on
- Coulomb hydrogen bond energy calculation
 - Empirical hydrogen bond energy calculation
 - Peptide bond torsion angle calculation
 - Side chain torsion angle calculation

51. निम्नलिखित में से कौन एक जनसंख्या से गैर- यादृच्छिक नमूनाकरण डेटा की संपत्ति नहीं है?
- जनसंख्या के प्रत्येक सदस्य के चयन की संभावना बराबर है
 - नमूना डेटा में पूरी आबादी के आइटम प्रतिनिधि शामिल नहीं हैं
 - नमूना डेटा पर विकसित मॉडल पूरी आबादी तक नहीं बढ़ाया जा सकता है
 - जनसंख्या मानकों का अनुमान लगाया जा सकता है

52. PHYLIP का उपयोग विभिन्न जीवों के बीच विकासवादी संबंधों को खोजने के लिए किया जाता है। PhyLIP का पूर्ण रूप है
- फाईलोजेनी विश्लेषण के लिए समानार्थी शब्द
 - फ़ाइलोजेनी संपादन कार्यक्रम
 - फाइलोजेनी हस्तक्षेप पैकेज
 - एक प्रकार की जैव सूचना विज्ञान प्रोग्रामिंग भाषा

53. यदि आपको होमोसेपियन्स क्रोमोसोमल नंबर 13 पर पाए जाने वाले जीन द्वारा एन्कोड किए गए प्रत्येक प्रोटीन के लिए प्रविष्टियों को खोजने के लिए प्रोटीन डेटा बैंक (पीडीबी) की खोज करने की आवश्यकता होती है, तो आप निम्न में से किसका उपयोग करेंगे?
- स्रोत जीव ब्राउज़र
 - एससीओपी ब्राउज़र
 - जैविक प्रक्रिया ब्राउज़र
 - जीनोम लोकेशन ब्राउज़र

54. कौन सा संरचनात्मक वर्गीकरण डेटाबेस प्रोटीन (SSAP) कार्यक्रम की संरचना संरेखण के साथ जुड़ा हुआ है?
- स्कोप
 - कैथ
 - एफएसएसपी
 - एचएसएसपी

55. प्रोटीन की द्वितीयक संरचना को DSSP दृष्टिकोण का उपयोग करके सौंपा गया है:
- कूलम्ब हाइड्रोजन बांड ऊर्जा गणना
 - अनुभवजन्य हाइड्रोजन बंधन ऊर्जा गणना
 - पेट्टाइड बंधन मरोड़ कोण गणना
 - साइड चेन टोरसन कोण गणना

56. Paralogs and orthologs differ in that
- Paralogs have the same amino acid sequence and orthologs have different amino acid sequences.
 - Paralogs exist in the same species and orthologs exist in different species.
 - Paralogs have the same function and orthologs have different functions.
 - Paralogs have the same three-dimensional structure and orthologs have different three-dimensional structures.
57. Which of the following practice is used for Homology and similarity tool?
- BLAST
 - COPIA
 - PROSPECT
 - Pattern hunter
58. CoMFA method is used for
- 4D-QSAR
 - 3D-QSAR
 - 5D-QSAR
 - 6D-QSAR
59. A comprehensive data for the study of human genetics and molecular biology
- PDB
 - SCOP
 - STAG
 - OMIM
60. Which of the following strategies for predicting protein structure is based on the idea of finding the minimum protein's conformational space's lowest energy?
- Ab initio* structure prediction
 - Fold prediction
 - Homology modelling
 - Motif prediction
61. Which approach can be used to identify the best alignment between the two sequences, which are of similar length and have many locally aligned sections that are separated by less aligned regions?
- PHI BLAST
 - BLAST
 - Needleman-Wunch algorithm
 - Smith-Waterman algorithm
56. Paralogs और orthologs इसमें भिन्न हैं
- पैरालॉग में एक ही अमीनो एसिड अनुक्रम होता है और ऑर्थोलॉग में अलग-अलग अमीनो एसिड अनुक्रम होते हैं।
 - एक ही प्रजाति में पैरालॉग मौजूद हैं, और विभिन्न प्रजातियों में ऑर्थोलॉग मौजूद हैं।
 - पैरालॉग का एक ही कार्य होता है और ऑर्थोलॉग के अलग-अलग कार्य होते हैं।
 - परगनों की त्रि-आयामी संरचना समान होती है और ऑर्थोलॉग की त्रि-आयामी संरचनाएँ भिन्न होती हैं।
57. निम्नलिखित में से कौन सा अभ्यास समरूपता और समानता उपकरण के लिए प्रयोग किया जाता है?
- धमाका
 - कॉपिया
 - संभावना
 - पैटर्न शिकारी
58. सीओएमएफए विधि का उपयोग के लिए किया जाता है
- 4डी-क्यूएसएआर
 - 3डी-क्यूएसएआर
 - 5डी-क्यूएसएआर
 - 6डी-क्यूएसएआर
59. मानव आनुवंशिकी और आणविक जीव विज्ञान के अध्ययन के लिए एक व्यापक डेटा
- पीडीबी
 - स्कोप
 - स्टैग
 - ओमिमए
60. प्रोटीन संरचना की भविष्यवाणी के लिए निम्नलिखित में से कौन सी रणनीति न्यूनतम प्रोटीन के गठनात्मक स्थान की न्यूनतम ऊर्जा खोजने के विचार पर आधारित है?
- अब इनिटियो संरचना भविष्यवाणी
 - भविष्यवाणी मोड़ो
 - गृहविज्ञान मॉडलिंग
 - आकृति भविष्यवाणी
61. दो अनुक्रमों के बीच सर्वश्रेष्ठ संरेखण की पहचान करने के लिए किस दृष्टिकोण का उपयोग किया जा सकता है, जो समान लंबाई के हैं और जिनमें कई स्थानीय रूप से संरेखित खंड हैं जो कम संरेखित क्षेत्रों द्वारा अलग किए गए हैं?
- फ़ी ब्लास्ट
 - ब्लास्ट
 - नीडलमैन-वंच एल्गोरिथम
 - स्मिथ-वाटरमैन एल्गोरिथम

62. The information retrieval tool for the NCBI genebank is
- Entrez
 - Text search
 - STAG
 - SeqIn
63. you have an unknown protein sequene, and you would like to know whether it contains regions similar to known protein or protein domains. Which email server you would like to approach for except
- GENEQUEST
 - PRODOM
 - PRINTS
 - WebCutter
64. You want to search the sequence for amino acid patterns already identified in related protein and which determine a biochemical activity, which tool will you use?
- PROSTITUTE
 - PSI-BLAST
 - MAST
 - none of the above
65. The size of databases A and B differs, with A being greater than B. A sequence in a BLAST search matches an entry in both databases with a highly significant match. which statement is accurate
- Match in Database A will have lower E-value when compared to Database B
 - The E-value will be same for both the matches
 - Match in Database B will have lower E-value when compared to Database A
 - The E-value cannot be compared for such a search
66. Which of following is data mining task
- classification
 - clustering
 - association rule
 - a, b, c
62. एनसीबीआई जीनबैंक के लिए सूचना पुनर्प्राप्ति उपकरण है
- Entrez
 - पाठ खोज
 - स्टैग
 - सेक्वेंसी
63. आपके पास एक अज्ञात प्रोटीन अनुक्रम है, और आप जानना चाहेंगे कि इसमें ज्ञात प्रोटीन या प्रोटीन डोमेन के समान क्षेत्र हैं या नहीं। आप किस ईमेल सर्वर को छोड़कर संपर्क करना चाहेंगे
- जेनक्वेस्ट
 - प्रोडोम
 - प्रिंट
 - वेबकटर
64. आप संबंधित प्रोटीन में पहले से पहचाने गए अमीनो एसिड पैटर्न के अनुक्रम की खोज करना चाहते हैं और जो एक जैव रासायनिक गतिविधि निर्धारित करते हैं, आप किस उपकरण का उपयोग करेंगे?
- प्रोस्टेट
 - पीएसआई-ब्लास्ट
 - मस्त
 - उपरोक्त में से कोई नहीं
65. डेटाबेस A और B का आकार भिन्न होता है, A, B से बड़ा होता है। BLAST खोज में एक क्रम अत्यधिक महत्वपूर्ण मिलान के साथ दोनों डेटाबेस में एक प्रविष्टि से मेल खाता है। कौन सा कथन सही है
- डेटाबेस A में मैच का डेटाबेस B की तुलना में कम ई-वैल्यू होगा
 - दोनों मैचों के लिए ई-वैल्यू समान होगा
 - सी) डेटाबेस A की तुलना में डेटाबेस B में मिलान का E-मान कम होगा
 - ऐसी खोज के लिए ई-मान की तुलना नहीं की जा सकती
66. निम्नलिखित में से कौन सा डेटा माइनिंग कार्य है
- वर्गीकरण
 - क्लस्टरिंग
 - एसोसिएशन नियम
 - ए, बी, सी

67. Which of the following is NOT a data mining tool
- KNIME
 - Python
 - Orange
 - MAST
68. Which of the following is an abbreviation of MEME?
- Multiple Expectation Maximization for Motif Extraction
 - Mega Expectation Maximization for Motif Elicitation
 - Micro Expectation Maximization for Motif Extraction
 - Multiple Expectation Maximization for Motif Elicitation
69. Which of the following is not a software for dot plot analysis?
- DOTMATCHER
 - LALIGN
 - DOTLET
 - SIMMI
70. A region with several insertions and deletions in an area of homologous protein sequences in a multiple sequence alignment indicates the presence of:
- a buried region in the protein
 - secondary structure element
 - a surface random coil region
 - a motif
71. A novel protein biomarker from *Caenorhabditis elegans* was identified and sequenced. The sequence is expected to be widely divergent from known sequences. Which scoring matrix will produce the most appropriate alignment in a search for homologs in the NCBI database?
- PAM1
 - PAM250
 - BLOSUM 90
 - BLOSUM82
67. नम्र में से कौन एक डाटा माइनिंग टूल नहीं है
- चाकू
 - पायथन
 - नारंगी
 - मस्त
68. निम्नलिखित में से कौन MEME का संक्षिप्त रूप है?
- आकृति निष्कर्षण के लिए एकाधिक अपेक्षा अधिकतमकरण
 - मोटिफ एलिसिटेशन के लिए मेगा एक्सपेक्टेडेशन मैक्सिमाइजेशन
 - आकृति निष्कर्षण के लिए सूक्ष्म अपेक्षा अधिकतमकरण
 - मोटिफ एलिसिटेशन के लिए एकाधिक अपेक्षा अधिकतमकरण
69. निम्नलिखित में से कौन सा डॉट प्लॉट विश्लेषण के लिए एक सॉफ्टवेयर नहीं है?
- डॉटमैचर
 - लालिन
 - डॉटलेट
 - सिम्मी
70. एक बहु अनुक्रम संरेखण में समजातीय प्रोटीन अनुक्रमों के क्षेत्र में कई सम्मिलन और विलोपन वाला क्षेत्र किसकी उपस्थिति को इंगित करता है:
- प्रोटीन में एक दफन क्षेत्र
 - माध्यमिक संरचना तत्व
 - एक सतह यादृच्छिक कुंडल क्षेत्र
 - एक आदर्श
71. कैनोर्हाडाइटिस एलिगेंस से एक उपन्यास प्रोटीन बायोमार्कर की पहचान की गई और उसका अनुक्रम किया गया। अनुक्रम ज्ञात अनुक्रमों से व्यापक रूप से भिन्न होने की उम्मीद है। कौन सा स्कोरिंग मैट्रिक्स एनसीबीआई डेटाबेस में होमोलॉग की खोज में सबसे उपयुक्त संरेखण का उत्पादन करेगा?
- PAM1
 - PAM250
 - ब्लॉसम 90
 - BLOSUM82

72. The statistical significance of a BLAST finding is determined using
- normal distribution
 - random distribution
 - passion distribution
 - extreme value distribution
73. Which of the following approach is considered under the 'Ligand-based drug designing'?
- Molecular docking
 - Pharmacophore modeling
 - QSAR Modeling
 - b and c both
74. Regarding the maximum parsimony method, which of the following is false?
- This method predicts the evolutionary tree
 - It minimizes the number of steps required to generate the observed variation in the sequences
 - The method is also sometimes referred to as the minimum evolution method
 - Only a pairwise sequence alignment is required to predict which sequence positions are likely to correspond
75. Which of the following is untrue regarding the Distance analysis programs in PHYLIP?
- FITCH estimates a phylogenetic tree assuming additivity of branch lengths
 - FITCH uses the Fitch-Margoliash method
 - FITCH assumes a molecular clock but KITSCH does not
 - NEIGHBOR estimates phylogenies using the neighbor-joining or unweighted pair group method with arithmetic mean (UPGMA)
76. Parsimony can give _____ information when rates of sequence change _____ in the different branches of a tree that are represented by the sequence data.
- misleading, vary
 - useful, change
 - misleading, are constant
 - sometimes contradicting, are constant
72. BLAST खोज का सांख्यिकीय महत्व का उपयोग करके निर्धारित किया जाता है
- सामान्य वितरण
 - यादृच्छिक वितरण
 - जुनून वितरण
 - चरम मूल्य वितरण
73. निम्नलिखित में से कौन सा दृष्टिकोण 'लिगैंड आधारित दवा डिजाइनिंग' के तहत माना जाता है?
- आणविक डॉकिंग
 - फार्माकोफोर मॉडलिंग
 - क्यूएसएआर मॉडलिंग
 - बी और सी दोनों
74. अधिकतम पारसीमोनी विधि के संबंध में, निम्नलिखित में से कौन सा असत्य है?
- यह विधि विकासवादी वृक्ष की भविष्यवाणी करती है
 - यह अनुक्रमों में देखी गई भिन्नता उत्पन्न करने के लिए आवश्यक चरणों की संख्या को कम करता है
 - विधि को कभी-कभी न्यूनतम विकास विधि के रूप में भी जाना जाता है
 - भविष्यवाणी करने के लिए केवल एक जोड़ीदार अनुक्रम संरेखण की आवश्यकता होती है कि कौन सी अनुक्रम स्थिति के अनुरूप होने की संभावना है
75. PHYLIP में दूरस्थ विश्लेषण कार्यक्रमों के संबंध में निम्नलिखित में से कौन सा असत्य है?
- FITCH शाखा की लंबाई की अतिरिक्तता मानते हुए एक फ़ाइलोजेनेटिक पेड़ का अनुमान लगाता है
 - FITCH फिच-मार्गोलियाश पद्धति का उपयोग करता है
 - FITCH एक आणविक घड़ी मानता है लेकिन KITSCH नहीं करता है
 - NEIGHBOR अंकगणित माध्य (UPGMA) के साथ पड़ोसी-जुड़ने या बिना भारित जोड़ी समूह विधि का उपयोग करके फ़ाइलोजेनी का अनुमान लगाता है।
76. पारसिमनी _____ जानकारी दे सकता है जब अनुक्रम डेटा द्वारा दर्शाए गए पेड़ की विभिन्न शाखाओं में अनुक्रम की दरें _____ बदलती हैं।
- भ्रामक, भिन्न
 - उपयोगी, परिवर्तन
 - भ्रामक, स्थिर हैं
 - कभी-कभी विरोधाभासी, स्थिर होते हैं

77. Which of the following statements about the Dayhoff scoring matrix construction method is true?
- it is assumed that each amino acid position is equally mutable
 - it is assumed that each amino acid position is not equally mutable
 - it is assumed that each amino acid position is not mutable at all
 - sites do not vary in their degree of mutability
78. Which of the following is not a disadvantage of Needleman-Wunsch algorithm?
- This method is comparatively slow
 - There is a need of intensive memory
 - This cannot be applied on genome sized sequences
 - useful in determining similarities and evolutionary relationships.
79. Which of the following does not describe global alignment algorithm?
- It attempts to align every residue in every sequence
 - It is most useful when the aligning sequences are similar and of roughly the same size
 - It is useful when the aligning sequences are dissimilar
 - It can use Needleman-Wunsch algorithm
80. Which of the following is wrong in case of substitution matrices?
- They determine likelihood of homology between two sequences
 - They use system where substitutions that are more likely should get a higher score
 - They use system where substitutions that are less likely should get a lower score
 - BLOSUM-X type uses logarithmic identity to find similarity
77. डेहॉफ स्कोरिंग मैट्रिक्स निर्माण विधि के बारे में निम्नलिखित में से कौन सा कथन सत्य है?
- यह माना जाता है कि प्रत्येक एमिनो एसिड स्थिति समान रूप से परिवर्तनीय है
 - यह माना जाता है कि प्रत्येक एमिनो एसिड स्थिति समान रूप से परिवर्तनीय नहीं है
 - यह माना जाता है कि प्रत्येक एमिनो एसिड की स्थिति बिल्कुल भी परिवर्तनशील नहीं है
 - साइटों अपनी परिवर्तनशीलता की डिग्री में भिन्न नहीं होती हैं
78. निम्नलिखित में से कौन नीडलमैन-वुन्श एल्गोरिथम का नुकसान नहीं है?
- यह विधि तुलनात्मक रूप से धीमी है
 - गहन स्मृति की आवश्यकता है
 - इसे जीनोम आकार के अनुक्रमों पर लागू नहीं किया जा सकता है
 - समानताएं और विकासवादी संबंधों को निर्धारित करने में उपयोगी।
79. निम्नलिखित में से कौन वैश्विक संरेखण एल्गोरिथम का वर्णन नहीं करता है?
- यह प्रत्येक अवशेष को प्रत्येक क्रम में संरेखित करने का प्रयास करता है
 - यह सबसे उपयोगी है जब संरेखण अनुक्रम समान होते हैं और लगभग समान आकार के होते हैं
 - यह ब उपयोगी होता है जब संरेखण अनुक्रम भिन्न होते हैं
 - यह नीडलमैन-वुन्श एल्गोरिथम का उपयोग कर सकता है
80. प्रतिस्थापन मैट्रिक्स के मामले में निम्नलिखित में से कौन सा गलत है?
- वे दो अनुक्रमों के बीच समरूपता की संभावना निर्धारित करते हैं
 - वे उस प्रणाली का उपयोग करते हैं जहां अधिक संभावना वाले प्रतिस्थापन को उच्च स्कोर मिलना चाहिए
 - वे सिस्टम का उपयोग करते हैं जहां कम संभावना वाले प्रतिस्थापन को कम स्कोर मिलना चाहिए
 - BLOSUM-X प्रकार समानता खोजने के लिए लघुगणकीय पहचान का उपयोग करता है

81. CLUSTALW is a more recent version of CLUSTAL with the W standing for _____
- weakening
 - winding
 - weighting
 - wiping
82. Which of the following is untrue about the PRSS program?
- It stands for Probability of Random Shuffles
 - It is a web-based program that can be used to evaluate the statistical significance of DNA or protein sequence alignment
 - It first aligns two sequences using the Needleman-Wunsch algorithm and calculates the score
 - It holds one sequence in its original form and randomizes the order of residues in the other sequence.
83. Sequence similarity can be quantified using _____ homology is a _____ statement.
- percentages, quantitative
 - percentages, qualitative
 - ratios, qualitative
 - ratios, quantitative
84. Which type of data base EBI is ?
- Protein db
 - Pathway db
 - Nucleotide db
 - Specialized db
85. ARSA is search engine of
- DDBJ
 - GENBANK
 - EMBL
 - UNIPROT
86. Among the following which one is not the approach to the local alignment?
- Smith-Waterman algorithm
 - K-tuple method
 - Words method
 - Needleman-Wunsch algorithm
81. CLUSTALW, _____ के लिए W खड़े होने के साथ CLUSTAL का नवीनतम संस्करण है
- कमजोरहोना
 - घुमावदार
 - भार
 - पोंछना
82. पीआरएसएस कार्यक्रम के बारे में निम्नलिखित में से कौन सा असत्य है?
- यह यादृच्छिक फेरबदल की संभावना के लिए खड़ा है
 - यह एक वेब-आधारित कार्यक्रम जिसका उपयोग डीएनए या प्रोटीन अनुक्रम संरेखण के सांख्यिकीय महत्व का मूल्यांकन करने के लिए किया जा सकता है
 - यह पहले नीडलमैन-वुन्श एल्गोरिथम का उपयोग करके दो अनुक्रमों को संरेखित करता है और स्कोर की गणना करता है
 - यह एक क्रम को अपने मूल रूप में रखता है और दूसरे क्रम में अवशेषों के क्रम को यादृच्छिक करता है।
83. अनुक्रम समानता को _____ होमोलॉजी का उपयोग करके निर्धारित किया जा सकता है, यह एक _____ कथन है।
- प्रतिशत, मात्रात्मक
 - प्रतिशत, गुणात्मक
 - अनुपात, गुणात्मक
 - अनुपात, मात्रात्मक
84. ईबीआई किस प्रकार का डाटा बेस है?
- प्रोटीन डीबी
 - पाथवे डीबी
 - न्यूक्लियोटाइड डीबी
 - विशिष्ट डीबी
85. एआरएसए का सर्च इंजन है
- डीडीबीजे
 - जेनबैंक
 - ईएमबीएल
 - यूनिप्रोट
86. निम्नलिखित में से कौन स्थानीय संरेखण के लिए दृष्टिकोण नहीं है?
- स्मिथ-वाटरमैन एल्गोरिथम
 - के-टुपल विधि
 - शब्द विधि
 - नीडलमैन-वुन्श एल्गोरिथम

87. Which of the following does not describe k-tuple methods?
- k-tuple methods are best known for their implementation in the database search tools FASTA and the BLAST family
 - They are also known as words methods
 - They are basically heuristic methods to find local alignment
 - They are useful in small scale databases
88. Which of the following is untrue regarding BLAST and FASTA?
- FASTA is faster than BLAST
 - FASTA is the most accurate
 - BLAST has limited choices of databases
 - FASTA is more sensitive for DNA-DNA comparisons
89. Which of the following is not a variant of BLAST?
- BLASTN
 - BLASTP
 - BLASTX
 - TBLASTNX
90. Which of the following is not correct about BLAST?
- The BLAST web server has been designed in such way as to simplify the task of program selection
 - The programs are organized based on the type of query sequences
 - The programs are organized based on the type of nucleotide sequences, or nucleotide sequence to be translated
 - BLAST is not based on heuristic searching methods
91. Which of the following is not a software for dot plot analysis?
- SIMMI
 - DOTLET
 - DOTMATCHER
 - LALIGN
87. निम्न में से कौन k-tuple विधियों का वर्णन नहीं करता है?
- k-tuple विधियाँ डेटाबेस खोज उपकरण FASTA और BLAST परिवार में उनके कार्यान्वयन के लिए सबसे अच्छी तरह से जानी जाती हैं
 - उन्हें शब्द विधियों के रूप में भी जाना जाता है
 - वे स्थानीय संरेखण खोजने के लिए मूल रूप से अनुमानी तरीके हैं
 - वे छोटे पैमाने के डेटाबेस में उपयोगी होते हैं
88. ब्लास्ट और फास्टा के संबंध में निम्नलिखित में से कौन सा असत्य है?
- FASTA BLAST से तेज है
 - FASTA सबसे सटीक है
 - BLAST के पास डेटाबेस के सीमित विकल्प हैं
 - डीएनए-डीएनए तुलना के लिए FASTA अधिक संवेदनशील है
89. निम्नलिखित में से कौन ब्लास्ट का एक प्रकार नहीं है?
- ब्लास्ट
 - ब्लास्टपी
 - ब्लास्टएक्स
 - टीबीएलएएसटीएनएक्स
90. ब्लास्ट के बारे में निम्नलिखित में से कौन सा सही नहीं है?
- ब्लास्ट वेब सर्वर को इस तरह से डिजाइन किया गया है कि कार्यक्रम चयन के कार्य को सरल बनाया जा सके
 - कार्यक्रम केरी अनुक्रमों के प्रकार के आधार पर आयोजित किए जाते हैं
 - कार्यक्रम न्यूक्लियोटाइड अनुक्रमों के प्रकार, या न्यूक्लियोटाइड अनुक्रम के अनुवाद के आधार पर आयोजित किए जाते हैं
 - ब्लास्ट अनुमानी खोज विधियों पर आधारित नहीं है
91. निम्नलिखित में से कौन सा डॉट प्लॉट विश्लेषण के लिए एक सॉफ्टवेयर नहीं है?
- सिम्मी
 - डॉटलेट
 - डॉटमैचर
 - लालिन

92. In the context of dot plot method vertical frame shifts show _____ while the horizontal ones show _____
- insertion, insertion
 - insertion, deletion
 - deletion, deletion
 - deletion, insertion
93. Which of the following used for prediction of protein sorting signal and localization sites
- PSORT
 - SignalP
 - TargetP
 - ChloroP
94. Which substitution matrices should you favour when using BLAST search to locate distantly related orthologs?
- BLOSUM40 and PAM250
 - BLOSUM82 and PAM250
 - BLOSUM 40 and PAM 120
 - BLOSUM60 and PAM120
95. Match the items in GROUP1 with an appropriate description of GROUP2
- | | |
|---------------|--------------------------------|
| P) RasMol | 1. Phylogenetic analysis |
| Q) SWISS-PROT | 2. 3D- structure visualization |
| R) UPGMA | 3. Multiple sequence alignment |
| S) CLUSTALW | 4. Protein sequence database |
- P-4, Q-1, R-2, S-3
 - P-3, Q-2, R-1, S-4
 - P-1, Q-2, R-3, S-4
 - P-2, Q-4, R-2, S-3
96. Which of the following statements about InterPro is incorrect regarding its features?
- Protein relatedness is defined by the P-values from the BLAST alignments
 - 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
92. डॉट प्लॉट विधि के संदर्भ में वर्टिकल फ्रेम शिफ्ट _____ दिखाते हैं जबकि हॉरिजॉन्टल वाले _____ दिखाते हैं
- सम्मिलन, सम्मिलन
 - सम्मिलन, हटाना
 - हटाना, हटाना
 - विलोपन, सम्मिलन
93. निम्नलिखित में से किसका उपयोग प्रोटीन सॉर्टिंग सिग्नल और स्थानीयकरण साइटों की भविष्यवाणी के लिए किया जाता है
- PSORT
 - सिग्नल पी
 - लक्ष्यपी
 - क्लोरोपी
94. दूर से संबंधित ऑर्थोलॉग का पता लगाने के लिए BLAST खोज का उपयोग करते समय आपको किस प्रतिस्थापन मैट्रिक्स का पक्ष लेना चाहिए?
- BLOSUM40 और PAM250
 - BLOSUM82 और PAM250
 - ब्लॉसम 40 और पीएएम 120
 - BLOSUM60 और PAM120
95. ग्रुप 1 में आइटम्स को ग्रुप 2 के उपयुक्त विवरण के साथ मिलाएं
- | | |
|------------------|-----------------------------|
| पी) रसमोल | 1. फाइलोजेनेटिक विश्लेषण |
| क्यू) SWISS-PROT | 2. 3D- संरचना VISUALIZATION |
| आर) यूपीजीएमए | 3. एकाधिक अनुक्रम संरेखण |
| एस) CLUSTALW | 4. प्रोटीन अनुक्रम डेटाबेस |
- पी-4, क्यू-1, आर-2, एस-3
 - पी -3, क्यू -2, आर -1, एस -4
 - पी-1, क्यू-2, आर-3, एस-4
 - पी -2, क्यू -4, आर -2, एस -3
96. इंटरप्रो के बारे में निम्नलिखित में से कौन सा कथन इसकी विशेषताओं के संबंध में गलत है?
- प्रोटीन से संबंधितता को BLAST संरेखण से P-values 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

97. Which of the following is not a member database of InterPro?

- a. SCOP
- b. HAMAP
- c. PANTHER
- d. Pfam

98. Which of the following is incorrect about ENTREZ?

- a. It is a resource prepared only by the staff of the National Center for Biotechnology Information
- b. It provides a series of forms that can be filled out to retrieve a Medline reference related to the molecular biology sequence databases
- c. One straightforward way to access the sequence databases is through ENTREZ
- d. It provides a series of forms that can be filled out to retrieve a DNA or protein sequence

99. Which of the following is used to access the database server at the time of executing the program and get the data from the server accordingly?

- a. Embedded SQL
- b. Dynamic SQL
- c. SQL declarations
- d. SQL data analysis

100. What represents a 'tuple' in a relational database?

- a. Table
- b. Row
- c. Column
- d. Object

97. निम्नलिखित में से कौन इंटरप्रो का सदस्य डेटाबेस नहीं है?

- a. स्कोप
- b. हमाप
- c. तेंदुआ
- d. पीएफएम

98. ENTREZ के बारे में निम्नलिखित में से कौन सा गलत है?

- a. यह केवल राष्ट्रीय जैव प्रौद्योगिकी सूचना केंद्र के कर्मचारियों द्वारा तैयार किया गया संसाधन है
- b. यह आणविक जीव विज्ञान अनुक्रम डेटाबेस से संबंधित मेडलाइन संदर्भ को पुनः प्राप्त करने के लिए फॉर्म की एक श्रृंखला प्रदान करता है जिसे भरा जा सकता है
- c. अनुक्रम डेटाबेस तक पहुंचने का एक सीधा तरीका ENTREZ . के माध्यम से है
- d. यह रूपों की एक श्रृंखला प्रदान करता है जिसे डीएनए या प्रोटीन अनुक्रम को पुनः प्राप्त करने के लिए भरा जा सकता है

99. प्रोग्राम को निष्पादित करते समय डेटाबेस सर्वर तक पहुँचने और उसके अनुसार सर्वर से डेटा प्राप्त करने के लिए निम्न में से किसका उपयोग किया जाता है?

- a. एंबेडेड एसक्यूएल
- b. गतिशील एसक्यूएल
- c. एसक्यूएल घोषणाएं
- d. एसक्यूएल डेटा विश्लेषण

100. संबंधपरक डेटाबेस में 'टुपल' क्या दर्शाता है?

- a. टेबल
- b. पंक्ति
- c. कॉलम
- d. ऑब्जेक्ट