# B.A./B.Sc./B.Com. (Semester-II) Examination, 2025

(For Regular & NC) As per NEP 2020

## SKILL ENHANCEMENT COURSE

**Paper Code : SEC-64T-216** **OMR Code : 245**

## ( INTRODUCTION TO BIOINFORMATICS )

**Time : 1 Hour**

**Maximum Marks :** **For Reg. / NC : 40 Marks** / **For Reg. / NC : 50 Marks**

**Instructions for Students**

(छात्रों के लिए निर्देश)

**Students are required to read the instructions carefully before starting solving the question paper.**

छात्रों को प्रश्न पत्र हल करना शुरू करने से पहले सभी निर्देशों को ध्यान से पढ़ना आवश्यक है।

1. Attempt all the 40 questions. Each question carries 1 mark for regular student and 1.25 mark for Non Collegiate student.

   सभी 40 प्रश्न हल कीजिए। प्रत्येक प्रश्न नियमित विद्यार्थियों के लिए 1 अंक का है तथा स्वयंपाठी विद्यार्थियों के लिए 1.25 अंक है।

2. Make sure that your question booklet has all the 40 questions. Defective Booklet can be changed within 10 minutes.

   प्रश्न–पुस्तिका में सभी 40 प्रश्न छपे हैं। त्रुटिपूर्ण पुस्तिका को 10 मिनट में बदलवाया जा सकता है।

3. All entries should be filled by blue or black ball-point pen. Select the best possible answer and darken the correct answer A or B or C or D in the circle corresponding to that question in OMR sheet with pen.

   सभी प्रविष्टियां नीले अथवा काले बॉल–प्वाइंट पेन से ही भरें। दिये गये चार विकल्पों (a) या (b) या (c) या (d) में से सर्वोच्च विकल्प को OMR शीट के उचित वृत्त में भरें।

1. Which four nucleotides are found in DNA sequences?
   (a) A, U, G, C
   (b) A, C, T, G
   (c) A, T, U, G
   (d) T, G, C, U

2. Which nucleotide replaces Thymine (T) in RNA sequences?
   (a) Adenine
   (b) Cytosine
   (c) Guanine
   (d) Uracil

3. What are protein sequences composed of :
   (a) Nucleotides
   (b) Amino acids
   (c) Fatty acids
   (d) Carbohydrates

4. What is the main purpose of sequence alignment?
   (a) To shorten sequences
   (b) To find similarities and differences between sequences
   (c) To delete sequences
   (d) To change the color of sequences

5. Which type of sequence alignment compares sequences over their entire length?
   (a) Global alignment
   (b) Local alignment
   (c) Partial alignment
   (d) Sequential alignment

1. DNA अनुक्रमों में थायमीन (T) की जगह कौन सा न्यूक्लयोटाइड होता है?
   (a) A, U, G, C
   (b) A, C, T, G
   (c) A, T, U, G
   (d) T, G, C, U

2. RNA अनुक्रमों में थायमीन (T) की जगह कौन सा न्यक्लियोटाइड होता है?
   (a) एडिनाइन
   (b) साइटोसीन
   (c) गुआनाइन
   (d) यूरैसिल

3. प्रोटीन अनुक्रमों का निर्माण किससे होता है?
   (a) न्यूक्लियोटाइड
   (b) अमीनो एसिड
   (c) फैटी एसिड
   (d) कार्बोहाइड्रेट

4. अनुक्रम संरेखण का मुख्य उद्देश्य क्या है?
   (a) अनुक्रमों को छोटा करना
   (b) अनुक्रमों की बीच समानता और अंतर का पता लगाना
   (c) अनुक्रमों को हटाना
   (d) अनुक्रमों का रंग बदलना

5. किस प्रकार का अनुक्रम संरेखण पूरी लंबाई के अनुक्रमों की तुलना करता है?
   (a) ग्लोबल संरेखण
   (b) लोकल संरेखण
   (c) आंशिक संरेखण
   (d) अनुक्रम संरेखण

6. Which type of sequence alignment identifies the most similar regions of sequences?
   (a) Global alignment
   (b) Local alignment
   (c) Complete alignment
   (d) External alignment

7. How many sequences are analyzed in a pairwise sequence alignment?
   (a) One
   (b) Two
   (c) Three
   (d) Four or more

8. Why is Multiple Sequence Alignment (MSA) necessary?
   (a) To compare sequences from the same species
   (b) To identify conserved regions among many related sequences
   (c) To compare only two sequences
   (d) To predict the structure of a protein

9. What is the principle behind progressive sequence alignment?
   (a) It starts with the most diverent sequences
   (b) It starts with pairwise alignments of the most similar sequences
   (c) It aligns sequences randomly
   (d) It only works on gene sequences

10. What is the advantage of the iterative sequence alignment method?
   (a) It only works on protein sequences
   (b) It is very fast
   (c) It refines the initial alignment
   (d) It is better is better for building phylogenetic trees

6. किस प्रकार का अनुक्रम संरेखण अनुक्रमों के सबसे समान क्षेत्रों की पहचान करता है?
   (a) ग्लोबल संरेखण
   (b) लोकल संरेखण
   (c) पूर्ण संरेखण
   (d) बाहरी संरेखण

7. पेयरवाइज अनुक्रम संरेखण में कितने अनुक्रमों का विश्लेषण किया जाता है?
   (a) एक
   (b) दो
   (c) तीन
   (d) चार या अधिक

8. बहु–अनुक्रम संरेखण (MSA) क्यों आवश्यक है?
   (a) एक ही प्रजाति के अनुक्रमों की तुलना करने के लिए
   (b) कई संबंधित अनुक्रमों के बीच संरक्षित क्षेत्रों की पहचान करने के लिए
   (c) केवल दो अनुक्रमों की तुलना करने के लिए
   (d) प्रोटीन की संरचना का अनुमान लगाने के लिए

9. प्रगतिशील अनुक्रम संरेखण किस सिद्धान्त पर आधारित है?
   (a) यह सबसे अलग अनुक्रमों से शुरु होता है
   (b) यह सबसे समान अनुक्रमों के पेयरवाइज अलाइनमेंट से शुरु होता है
   (c) यह यादृच्छिक रूप से अनुक्रमों को संरेखित करता है
   (d) यह केवल जीन अनुक्रमों पर काम करता है

10. पुनरावृत्तीय अनुक्रम संरेखण विधि का क्या फायदा है?
   (a) यह केवल प्रोटीन अनुक्रमों पर काम करता है
   (b) यह बहुत तेज है
   (c) यह प्रारंभिक संरेखण में सुधार करता है
   (d) यह फाइलोजेनेटिक पेड़ बनाने के लिए बेहतर है

**11.** What is the main purpose of phylogenetic analysis?

(a) To study protein structure

(b) To detect mutations in sequences

(c) To determine evolutionary relationships along biological entities

(d) To convert DNA to RNA

**12.** What kind of data is typically used to build a phylogenetic tree?

(a) Sequence data

(b) Structural data

(c) Lipid data

(d) Carbohydrate data

**13.** In what kind of analysis is Clustal used?

(a) Only pairwise alignment

(b) Only gene alignment

(c) Phylogenetic analysis

(d) Only DNA alignment

**14.** What is the function of GenBank in bioinformatics?

(a) Storing genetic data

(b) Storing chemical compounds

(c) Storing biological samples

(d) Storing patient medical history

**15.** What is the full form of NCBI?

(a) National Center for Biotech Industries

(b) National Center for Biotechnology Information

(c) Nucleotide Coding Bioinformatics

(d) National Chemistry Biology Institute

**11.** फाइलोजेनेटिक विश्लेषण का मुख्य उद्देश्य क्या है?

(a) प्रोटीन की संरचना का अध्ययन करना

(b) अनुक्रमों में उत्परिवर्तन का पता लगाना

(c) जैविक संस्थाओं के बीच विकासवादी संबंधों को निर्धारित करना

(d) डीएनए को आरएनए में बदलना

**12.** फाइलोजेनेटिक पेड़ बनाने के लिए आमतौर पर कौन से डेटा का उपयोग किया जाता है?

(a) अनुक्रम डेटा

(b) संरचनात्मक डेटा

(c) लिपिड डेटा

(d) कार्बोहाइड्रेट डेटा

**13.** Clustal का उपयोग किस प्रकार के विश्लेषण में किया जाता है?

(a) केवल पेयरवाइज संरेखण

(b) केवल जीन संरेखण

(c) फाइलोजेनेटिक विश्लेषण

(d) केवल DNA संरेखण

**14.** जैव सूचना विज्ञान में GenBank का क्या कार्य है?

(a) आनुवंशिक डेटा का भंडारण

(b) रासायनिक यौगिकों का भंडारण

(c) जैविक नमूनों का भंडारण

(d) रोगी के चिकित्सा इतिहास का भंडारण

**15.** NCBI का पूर्ण रूप क्या है?

(a) नेशनल सेंटर फॉर बायोटेक इंडस्ट्रीज

(b) नेशनल सेंटर फॉर बायोटेक्नोलॉजी इंफॉर्मेशन

(c) न्यूक्लियोटाइड कोडिंग बायोइंफोर्मेटिक्स

(d) नेशनल केमिस्ट्री बायोलॉजी इंस्टीट्यूट

**16.** What is the main reason to use sequence alignment?

(a) To reduce the size of databases

(b) To understand genetic relationships

(c) To increase computer speed

(d) To clean up sequences

**17.** What does the header line in a FASTA format represent?

(a) The sequence's name or identifier

(b) The sequence's length

(c) The source of the sequence

(d) The type of sequence

**18.** Which database is considered a gold standard for protein sequences?

(a) GenBank

(b) NCBI

(c) UniProt

(d) PDB

**19.** What is a common algorithm for pairwise alignment?

(a) Needleman-Wunsch

(b) Clustering

(c) Data mining

(d) Machine learning

**20.** Which tool is most commonly used for Multple Sequence Alignment?

(a) BLAST

(b) Clustal

(c) GenBank

(d) VCF

**16.** अनुक्रम संरेखण का उपयोग करने का मुख्य कारण क्या है?

(a) डेटाबेस का आकार कम करना

(b) आनुवंशिक संबंधों को समझने के लिए

(c) कंप्यूटर की गति बढ़ाना

(d) अनुक्रमों को साफ करना

**17.** FASTA प्रारूप में हेडर लाइन क्या दर्शाती है?

(a) अनुक्रम का नाम या पहचानकर्ता

(b) अनुक्रम की लंबाई

(c) अनुक्रम का स्रोत

(d) अनुक्रम का प्रकार

**18.** किस डेटाबेस को प्रोटीन अनुक्रमों के लिए एक सुनहरा मानक माना जाता है?

(a) GenBank

(b) NCBI

(c) UniProt

(d) PDB

**19.** पेयरवाइज संरेखण के लिए एक सामान्य एल्गोरिदम क्या है?

(a) नीडलमैन–वुन्श

(b) क्लस्टरिंग

(c) डेटा माइनिंग

(d) मशीन लर्निंग

**20.** मल्टीपल सीक्वेंस अलाइनमेंट के लिए कौन सा उपकरण सबसे अधिक उपयोग किया जाता है?

(a) BLAST

(b) Clustal

(c) GenBank

(d) VCF

**21.** What is used to analyze biological data in bioinformatics?
- (a) Computer tools and software
- (b) Laboratory equipment
- (c) Only microscopes
- (d) Only biological reagents

**22.** Which data format is most suitable for detecting mutations in sequences?
- (a) FASTA
- (b) FASTQ
- (c) SAM/BAM
- (d) VCF

**23.** What is the purpose of "sequence alignment" in bioinformatics?
- (a) To encrypt data
- (b) To find similarities and differences in sequences
- (c) To reduce file space
- (d) To copy sequences

**24.** What type of alignment is used for multiple sequence alighment?
- (a) Only local alignment
- (b) Only global alignment
- (c) Progressive and iterative
- (d) Pairwise alignment

**25.** What does a "phylogentic tree" show?
- (a) The food chain between species
- (b) The evolutionary relationship between species
- (c) The number of different species
- (d) The geographical location of species

**21.** जैव सूचना विज्ञान में जैविक डेटा का विश्लेषण करने के लिए किसका उपयोग किया जाता है?
- (a) कंप्यूटर उपकरण और सॉफ्टवेयर
- (b) प्रयोगशाला उपकरण
- (c) केवल माइक्रोस्कोप
- (d) केवल जैविक रिएजेंट

**22.** अनुक्रमों में उत्परिवर्तन का पता लगाने के लिए कौन सा डेटा प्रारूप सबसे उपयुक्त है?
- (a) FASTA
- (b) FASTQ
- (c) SAM/BAM
- (d) VCF

**23.** जैव सूचना विज्ञान में ''अनुक्रम संरेखण'' का उद्देश्य क्या है?
- (a) डेटा को एन्क्रिप्ट करना
- (b) अनुक्रमों में समानताएं और अंतर खोजना
- (c) फाइल की जगह कम करना
- (d) अनुक्रमों की प्रतिलिपि बनाना

**24.** मल्टीपल सीक्वेंस अलाइनमेंट के लिए किस प्रकार के संरेखण का उपयोग किया जाता है?
- (a) केवल लोकल अलाइनमेंट
- (b) केवल ग्लोबल अलाइनमेंट
- (c) प्रगतिशील और पुनरावृत्तीय
- (d) पेयरवाइज संरेखण

**25.** ''फाइलोजेनेटिक पेड़'' क्या दर्शाता है?
- (a) प्रजातियों के बीच खाद्य श्रृंखला
- (b) प्रजातियों के बीच विकासवादी संबंध
- (c) विभिन्न प्रजातियों की संख्या
- (d) प्रजातियों का भौगोलिक स्थान

**26.** When comparing DNA and RNA sequences, which tool would be most suitable?

(a) BLAST

(b) Clustal

(c) GenBank

(d) UniProt

**27.** Using bioinformatics, what can a scientist do?

(a) To predict the structure of a protein

(b) To design new drugs

(c) To analyze genetic diseases

(d) All of the above

**28.** Who controls the entry and storage of data in a database?

(a) Any user

(b) Only scientists

(c) Database curators

(d) The government

**29.** After sequence alignment, what do gaps mean?

(a) Similarity in sequences

(b) Insertions or deletions in sequences

(c) Errors in sequences

(d) Nothing

**30.** What kind of data is most frequently analyzed in bioinformatics?

(a) Numerical data

(b) Sequence data

(c) Image data

(d) Sound data

**26.** डीएनए और आरएनए अनुक्रमों की तुलना करते समय, कौन सा उपकरण सबसे उपयुक्त होगा?

(a) BLAST

(b) Clustal

(c) GenBank

(d) UniProt

**27.** जैव सूचना विज्ञान का उपयोग करके, एक वैज्ञानिक क्या कर सकता है?

(a) प्रोटीन की संरचना का अनुमान लगाना

(b) नई दवाएं डिजाइन करना

(c) आनुवंशिक रोगों का विश्लेषण करना

(d) उपरोक्त सभी

**28.** डेटाबेस में डेटा के प्रवेश और भंडारण को कौन नियंत्रित करता है?

(a) कोई भी उपयोगकर्ता

(b) केवल वैज्ञानिक

(c) डेटाबेस क्यूरेटर

(d) सरकार

**29.** अनुक्रम संरेखण के बाद, गैप्स (gaps) का क्या मतलब होता है?

(a) अनुक्रमों में समानता

(b) अनुक्रमों में सम्मिलन या विलोपन

(c) अनुक्रमों में त्रुटियां

(d) कुछ नहीं

**30.** जैव सूचना विज्ञान में किस प्रकार के डेटा का सबसे अधिक विश्लेषण किया जाता है?

(a) संख्यात्मक डेटा

(b) अनुक्रम डेटा

(c) छवि डेटा

(d) ध्वनि डेटा

**31.** What is the main purpose of bioinformatics?

(a) To analyze biological data using computers
(b) To only create databases
(c) To only do programming
(d) To collect biological samples

**32.** Which of the following is not an application of bioinformatics?

(a) Drug design
(b) Gene sequencing
(c) Protein structure prediction
(d) Crop cultivation

**33.** What symbol marks the beginning of sequence data in a FASTA format?

(a) @
(b) >
(c) $
(d) %

**34.** What kind of additional information is included in the FASTQ format?

(a) Sequence length
(b) Date of sequencing
(c) Quality scores
(d) Manufacturer's name

**35.** What is the SAM/BAM format primarily used for?

(a) To store protein sequences
(b) To store sequencing alignment data
(c) To store raw DNA sequences
(d) To build phylogenetic trees

**31.** जैव सूचना विज्ञान का मुख्य उद्देश्य क्या है?

(a) कंप्यूटरों का उपयोग करके जैविक डेटा का विश्लेषण करना
(b) केवल डेटाबेस बनाना
(c) केवल प्रोग्रामिंग करना
(d) जैविक नमूने एकत्र करना

**32.** निम्नलिखित में से कौन सा जैव सूचना विज्ञान का एक अनुप्रयोग नहीं है?

(a) दवा डिजाइन
(b) जीन अनुक्रमण
(c) प्रोटीन संरचना की भविष्यवाणी
(d) फसल उगाना

**33.** FASTA प्रारूप में अनक्रम डेटा की शुरुआत किस प्रतीक से होती है?

(a) @
(b) >
(c) $
(d) %

**34.** FASTQ प्रारूप में किस प्रकार की अतिरिक्त जानकारी शामिल होती है?

(a) अनुक्रम की लंबाई
(b) अनुक्रमण की तिथि
(c) गुणवत्ता स्कोर
(d) निर्माता का नाम

**35.** SAM/BAM प्रारूप का उपयोग मुख्य रूप से किसलिए किया जाता है?

(a) प्रोटीन अनुक्रमों को संग्रहीत करने के लिए
(b) अनुक्रमण संरेखण डेटा संग्रहीत करने के लिए
(c) प्राथमिक DNA अनुक्रमों को संग्रहीत करने के लिए
(d) फाइलोजेनेटिक पेड़ बनाने के लिए

**36.** What is the full form of VCF?

(a) Variant Control Format

(b) Virus Collection File

(c) Variant Call Format

(d) Visual Comparison File

**36.** VCF का पूर्ण रूप क्या है?

(a) वेरिएंट कंट्रोल फॉर्मेट

(b) वायरस कलेक्शन फ़ाइल

(c) वेरिएंट कॉल फॉर्मेट

(d) विजुअल कॉम्पेरिजन फ़ाइल

**37.** Which of the following is a biological database?

(a) Google

(b) Wikipedia

(c) GenBank

(d) Amazon

**37.** निम्नलिखित में से कौन सा एक जैविक डेटाबेस है?

(a) गूगल

(b) विकिपीडिया

(c) जेनबैंक

(d) अमेज़ॅन

**38.** What kind of data does the UniProt database store?

(a) DNA sequences

(b) RNA sequences

(c) Protein sequences

(d) Lipid sequences

**38.** UniProt डेटाबेस किस प्रकार के डेटा को संग्रहीत करता है?

(a) DNA अनुक्रम

(b) RNA अनुक्रम

(c) प्रोटीन अनुक्रम

(d) लिपिड अनुक्रम

**39.** What is the function of the BLAST tool?

(a) To compare sequences

(b) To download data from database

(c) To compress files

(d) To edit sequences

**39.** BLAST उपकरण का क्या कार्य है?

(a) अनुक्रमों की तुलना करना

(b) डेटाबेसों से डेटा डाउनलोड करना

(c) फाइलों को संपीडित करना

(d) अनुक्रमों को संपादित करना

**40.** What is Clustal W used for?

(a) Single sequence alignment

(b) Pairwise sequence alignment

(c) Multiple sequence alignment

(d) Database searching

**40.** Clustal W का उपयोग किसलिए किया जाता है?

(a) सिंगल अनुक्रम संरेखण

(b) पेयरवाइज अनुक्रम संरेखण

(c) मल्टीपल अनुक्रम संरेखण

(d) डेटाबेस खोज