Total number of printed pages-6

3 (Sem-5/CBCS) BIT RE

2024

BIOTECHNOLOGY

(Regular Elective)

Paper: BIT-RE-5016

(Bioinformatics)

Full Marks: 60

Time: Three hours

The figures in the margin indicate full marks for the questions.

Answer the following questions as directed:

নিৰ্দেশ অনুসৰি তলৰ প্ৰশ্নসমূহৰ উত্তৰ কৰাঃ মা 1×7=7

(a) The term used to refer something performed using computer or computer simulation is

(Choose the correct answer)

কম্পিউটাৰ ৱা কম্পিউটাৰ ছিম্যুলেশ্যনৰ মাধ্যমেৰে কৰা কাৰ্যক বুজাবলৈ ব্যৱহাৰ হোৱা শব্দটো হৈছে

(শুদ্ধ উত্তৰটো বাচি উলিওৱা)

| | (i) in silico |
|-------|--|
| | (ii) dry Lab |
| | (iii) web technology |
| | (iv) None of the above |
| (b) | Which of the following is a nucleotide sequence database? (Choose the correct answer) |
| | তলৰ কোনটো নিউক্লিওটাইড ক্ৰমৰ ডেটাবেছ (শুদ্ধ উত্তৰটো বাচি উলিওৱা) |
| 93 | (i) EMBL |
| haine | (ii) TREMBL |
| | (iii) PDB |
| ethia | (iv) SWISS PROT |
| (c) | FASTA was developed by (Fill in the blank) |
| | FASTA য়ে উদ্ভাৱন কৰিছিল। (খালী ঠাই পূৰ কৰা) |
| (d) | What is UniGene? |

| (e) | The scoring system is called a, which derives from statistical analysis of residue substitution data from sets of reliable alignments of highly related sequences. |
|------------|--|
| | স্ক'ৰিং ব্যৱস্থাটোক বোলা হয়, যিটো অতি সম্পকীয় ক্ৰম নিৰ্ভৰশীল প্ৰান্তিককৰণৰ গোটৰ পৰা অৱশিষ্ট প্ৰতিস্থাপনৰ তথ্যৰ পৰিসংখ্যাগত বিশ্লেষণৰ পৰা আহৰণ কৰা হয়। |
| <i>(f)</i> | Which of the following is not a variant |

of BLAST?

(Choose the correct answer)

তলৰ কোটো BLAST ৰ প্ৰকাৰ নহয়?

(শুদ্ধ উত্তৰটো বাচি উলিওৱা)

- BLAST N
- BLAST P
- BLAST B
- (iv) BLAST X
- ClustalW is used for sequence (9) alignment and phylogenetic analysis. (True/False)

3

ClustalW, ক্রম সংমিলন আৰু ফাইলোজেনেটিক বিশ্লেষণৰ বাবে ব্যৱহৃত হয়।

(সত্য/অসত্য)

- Answer the following questions in brief:
 তলৰ প্ৰশ্নসমূহৰ চমুকৈ উত্তৰ দিয়া ঃ
 2×4=8
 - (a) What is an outgroup in bioinformatics? জৈৱতথ্যবিজ্ঞানত outgroup মানে কি?
 - (b) What is the FASTA format?
 FASTA বিন্যাস কি?
 - (c) Write briefly about the global and local alignment of biological sequences.
 জৈৱিক ক্ৰমৰ গ্লোবেল আৰু লোকেল প্ৰান্তিককৰণৰ বিষয়ে সংক্ষিপ্তভাৱে লিখা।
 - (d) What is chromatogram?
 ক্র'মেট' গ্রাম কি?
- 3. Write short notes on : **(any three**) 5×3=15 চমু টোকা লিখা ঃ *(যিকোনো তিনিটা)*
 - (a) Detecting open reading frames
 অ'পেন ৰিডিং ফ্রেম চিনাক্তকৰণ
 - (b) Working principle of PCR পিচিআৰৰ কাৰ্য্যকৰী নীতি

- (c) Mass spectroscopy মাছ স্পেক্ট্ৰস্ব'পি
- (d) Sequence similarity search using BLAST
 BLAST ব্যৱহাৰ কৰি ক্ৰম সাদৃশ্য অনুসন্ধান
- (e) Genome annotation জীনোম এন'টেচন
- 4. Answer the following questions : (any three) তলৰ প্ৰশ্নসমূহৰ উত্তৰ দিয়া ঃ (যিকোনো তিনিটা) 10×3=30
 - (a) What is phylogenetic tree? Explain various types of phylogenetic trees with their properties.

 2+8=10 ফাইলোজেনেটিক ট্ৰী কি? বিভিন্ন ধৰণৰ ফাইলোজেনেটিক ট্ৰী আৰু ইয়াৰ ধৰ্মৰ বিষয়ে ব্যাখ্যা কৰা।
 - (b) Discuss different data generating techniques in bioinformatics. Write a note on different protein databases.

4+6=10

জৈৱতথ্যবিজ্ঞানৰ বিভিন্ন তথ্য সৃষ্টি কৌশলৰ বিষয়ে আলোচনা কৰা। বিভিন্ন প্ৰটিন ডাটাবেছৰ ওপৰত এটা টোকা লিখা।

5

(c) What is homology modelling? Compare maximum parsimony and maximum likelihood methods of tree building for method, advantages and limitations.

2+8=10

হ'মলজি মডেলিং কি? পদ্ধতি, সুবিধা আৰু সীমাবদ্ধতাৰ আধাৰত ফাইলোজেনেটিক ট্ৰী নিৰ্মাণৰ সৰ্বোচ্চ ক্ষুদ্ৰতা আৰু সৰ্বোচ্চ সম্ভাৱনা পদ্ধতি তুলনা কৰা।

- (d) Define sequence alignment. Write a note on different categories and methods of sequence alignment. 2+4+4=10 ক্রম প্রান্তিককৰণৰ সংজ্ঞা লিখা। ক্রম প্রান্তিককৰণৰ বিভিন্ন শ্রেণী আৰু পদ্ধতিৰ ওপৰত এটা টোকা লিখা।
- (e) What is restriction digestion? Compare between Northern blot and Southern blot. 2+8=10 ৰেষ্ট্ৰিকশ্বন ডাইজেশ্বন কি? নৰ্থাৰ্ণ ব্লট আৰু ছাউডাৰ্ণ ব্লটৰ তুলনা কৰা।