

अध्याय - 5 | वंशागति के आणविक आधार

QUIZ
PART-08

1. मानव जीनोम परियोजना (HGP) कब प्रारंभ हुई थी?

- A. 1980 में
B. 1985 में
C. 1990 में
D. 1995 में (C)

व्याख्या: मानव जीनोम परियोजना की शुरुआत 1990 में मानव जीनों के अनुक्रम ज्ञात करने और उनके कार्यों का अध्ययन करने के लिए की गई थी।

2. मानव जीनोम परियोजना को किस वर्ष पूर्ण किया गया?

- A. 2000
B. 2001
C. 2003
D. 2005 (C)

व्याख्या: मानव जीनोम परियोजना 13 वर्षों के प्रयासों के बाद 2003 में सफलतापूर्वक पूर्ण हुई।

3. मानव जीनोम में लगभग कितने बेस पेयर्स पाए जाते हैं?

- A. 3 मिलियन
B. 3 बिलियन
C. 30 मिलियन
D. 30 बिलियन (B)

व्याख्या: मानव जीनोम में लगभग 3 बिलियन (3×10^9) रासायनिक बेस युग्म (न्यूक्लियोटाइड पेयर्स) पाए जाते हैं।

4. मानव जीनोम परियोजना का मुख्य उद्देश्य क्या था?

- A. RNA संरचना का निर्धारण
B. सभी जीनों का अनुक्रमण और कार्य निर्धारण
C. DNA प्रतिकृति का अध्ययन
D. जीवों का वर्गीकरण (B)

व्याख्या: इस परियोजना का उद्देश्य मानव डीएनए में उपस्थित लगभग 20,000-25,000 जीनों की पहचान कर उनके कार्यों को समझना था।

5. मानव जीनोम परियोजना के दौरान कौन-सा विज्ञान क्षेत्र तीव्र गति से विकसित हुआ?

- A. जैव रसायन
B. सूक्ष्मजीव विज्ञान
C. जैव सूचना विज्ञान
D. पर्यावरण विज्ञान (C)

व्याख्या: HGP के दौरान उत्पन्न विशाल आनुवंशिक आंकड़ों के विश्लेषण के लिए जैव सूचना विज्ञान का तीव्र विकास हुआ।

6. मानव जीनोम परियोजना में प्रयुक्त मुख्य विधियाँ कौन-सी थीं?

- A. ESTs और अनुक्रम टिप्पणी
B. इलेक्ट्रोफोरेसिस और PCR
C. जैल फिल्डेशन और स्पेक्ट्रोस्कोपी
D. केवल माइक्रोस्कोपी (A)

व्याख्या: HGP में दो प्रमुख तकनीकें प्रयोग की गईं — व्यक्त अनुक्रम घुंड़ी (ESTs) और अनुक्रम दत्तकथन (Sequence Annotation), जिनसे कोडिंग और नॉन-कोडिंग क्षेत्रों की पहचान संभव हुई।

7. मानव जीनोम परियोजना में डीएनए खंडों को क्लोन करने के लिए कौन-से वाहक उपयोग किए गए?

- A. प्लास्मिड और कोस्मिड
B. BAC और YAC
C. RNA और mRNA
D. ट्रांसपोसॉन और रेट्रोवायरस (B)

व्याख्या: डीएनए अनुक्रमण के लिए जीवाणु कृत्रिम गुणसूत्र (BAC) और यीस्ट कृत्रिम गुणसूत्र (YAC) संवाहकों का उपयोग किया गया था।

8. मानव जीनोम की औसत जीन लंबाई कितनी पाई गई?

- A. 300 बेस पेयर
B. 3,000 बेस पेयर
C. 30,000 बेस पेयर
D. 3 मिलियन बेस पेयर (B)

व्याख्या: मानव जीनोम में औसतन प्रत्येक जीन लगभग 3,000 न्यूक्लियोटाइड लंबा पाया गया।

9. मानव जीनोम में किस गुणसूत्र में सर्वाधिक जीन पाए जाते हैं?

- A. गुणसूत्र X
B. गुणसूत्र 1
C. गुणसूत्र 21
D. गुणसूत्र Y (B)

व्याख्या: मानव जीनोम में गुणसूत्र 1 में सबसे अधिक (लगभग 2,968) जीन पाए जाते हैं, जबकि Y गुणसूत्र में सबसे कम (231) जीन होते हैं।

10. मानव जीनोम परियोजना से क्या प्रमुख लाभ प्राप्त हुआ?

- A. प्रजातियों की पहचान
B. आनुवंशिक रोगों की पहचान और उपचार की संभावनाएँ
C. जीवों की गणना
D. कोशिका संरचना का विश्लेषण (B)

व्याख्या: इस परियोजना से मानव डीएनए की विविधताओं और आनुवंशिक रोगों के कारणों को समझने में सहायता मिली, जिससे भविष्य में उपचार के नए मार्ग प्रशस्त हुए।