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 फिल्ट्रेशन और स्पेक्ट्रोस्कोपी
   D. केवल माइक्रोस्कोपी (A)

व्याख्या : HGP में दो प्रमुख तकनीकें प्रयोग की गईं — व्यक्त अनुक्रम घुंडी (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।