6. वंशागति का आणविक आधार

प्रश्न 1. निम्नलिखित को नाइट्रोजनी क्षार और न्यूक्लियोसाइड के रूप में समूहित करें:

एडेनिन, साइटिडीन, थाइमिन, गुआनोसिन, यूरैसिल और साइटोसिन।

उत्तर: डीएनए न्यूक्लियोटाइड्स का एक बहुलक है जो चीनी, एक नाइट्रोजनस बेस और एक फॉस्फेट की मात्रा से बना होता है। डीएनए के चार आधार होते हैं; दो प्यूरीन और दो पाइरीमिडीन। दो प्यूरीन अर्थात् एडेनिन और ग्वानिन हैं और दो पाइरीमिडाइन साइटोसिन, थाइमिन हैं। फॉस्फेट समूह के बिना एक न्यूक्लियोटाइड इकाई को न्यूक्लियोसाइड कहा जाता है। नाइट्रोजनी क्षारक = एडेनिन, थाइमिन, यूरैसिल और साइटोसिन। साइटिडीन और गुआनोसिन न्यूक्लियोसाइड हैं।

प्रश्न 2. यदि दोहरे फंसे डीएनए में 20 प्रतिशत साइटोसिन है, तो डीएनए में एडेनिन के प्रतिशत की गणना करें।

उत्तर: एक डीएनए अणु में साइटोसिन अणुओं की संख्या ग्वानिन अणुओं के बराबर होती है और एडेनिन अणुओं की संख्या थाइमिन अणुओं के बराबर होती है। इस प्रकार, यदि एक डबल स्ट्रैंडेड डीएनए में 20% साइटोसिन होता है, तो इसमें 20% गुआनिन होता है। इस प्रकार, C + G कुल आधारों का 40% बनाता है। शेष 60% में एडेनिन और थाइमिन दोनों शामिल हैं जो समान मात्रा में हैं। तो, एडेनिन का प्रतिशत 30% है।

प्रश्न 3. यदि DNA के एक रज्जुक का क्रम इस प्रकार लिखा जाता है:

5' -एटीजीसीएटीजीसीएटीजीसीएटीजीसीएटीजीसीएटीजीसी-3'

पूरक रज्जुक के अनुक्रम को 5' में लिखिए।⟶3' दिशा।

उत्तर: डीएनए एक दो-असहाय अणु है। प्रत्येक स्ट्रैंड ए (एडेनोसिन), टी (थाइमिडीन), सी (साइटिडीन), और जी (ग्वानोसिन) अवशेषों से बना एक पोलीन्यूक्लियोटाइड होता है, जो विशिष्ट अनुक्रमों के साथ रैखिक श्रृंखलाओं में "निर्जलीकरण" संश्लेषण द्वारा पोलीमराइज़ किया जाता है। प्रत्येक स्ट्रैंड में ध्रुवता होती है जो 5 . से चलती है' 3 . तक'.
डीएनए में, टी के साथ ए पीआईआर और सी के साथ जी जोड़े।
मूल 5 . के माध्यम से एफओ' 3 . तक' अनुक्रम प्रत्येक ए को टी विज्ञापन के साथ प्रत्येक सी को जी के साथ जोड़ता है।
जबकि RNA सिंगल स्ट्रैंड अणु है। इस स्ट्रैंड में ए, सी, जी और यू (यूरिडीन) से बना पोलीन्यूक्लियोटाइड भी होता है।
एक पूरक स्ट्रैंड के लिए A को U से बदलें (क्योंकि RNA में T नहीं है), T को A से बदलें, सी के साथ जी, और जी के साथ सी।
इसलिए, यदि डीएनए के एक रज्जुक के अनुक्रम को इस प्रकार लिखा जाता है:
5' -एटीजीसीएटीजीसीएटीजीसीएटीजीसीएटीजीसीएटीजीसी-3'
3 . में पूरक स्ट्रैंड का क्रम' -> 5' इस प्रकार है:
3' - TACGTACGTACGTACGTACGTACGTACG - 5'

इसके बाद, 5' में पूरक स्ट्रैंड का क्रम⟶3' दिशा इस प्रकार लिखी जाती है:

5' - GCATGCATGCATGCATGCATGCATGCAT - 3'

प्रश्न 4. यदि प्रतिलेखन इकाई में कोडिंग स्ट्रैंड का क्रम निम्नानुसार लिखा जाता है:

5' -एटीजीसीएटीजीसीएटीजीसीएटीजीसीएटीजीसीएटीजीसीएटीजीसी-3'

mRNA के अनुक्रम को लिखिए।

उत्तर:

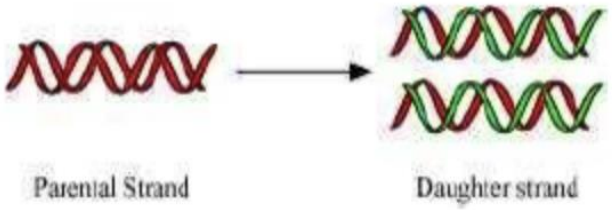
यदि प्रतिलेखन इकाई में कोडिंग स्ट्रैंड 5 . है'-एटीजीसीएटीजीसीएटीजीसीएटीजीसीएटीजीसीएटीजीसीएटीजीसी-3'
फिर, 3 'से 5' दिशा में टेम्पलेट स्ट्रैंड होगा

3'-TACGTACGTACGTACGTACGTACGTACG-5'
यह ज्ञात है कि एमआरएनए का अनुक्रम डीएनए के कोडिंग स्ट्रैंड के समान है। हालांकि, आरएनए में, थाइमिन को यूरैसिल द्वारा प्रतिस्थापित किया जाता है।
अत: mRNA का अनुक्रम होगा

5'-एयूजीसीएयूजीसीएयूजीसीएयूजीएयूजीसीयूजीसीयूजीसी-3'

प्रश्न 5. डीएनए डबल हेलिक्स की किस संपत्ति ने वाटसन और क्रिक को डीएनए प्रतिकृति के अर्ध-रूढ़िवादी मोड की परिकल्पना के लिए प्रेरित किया? समझाओ।

उत्तर: वाटसन और क्रिक ने देखा कि डीएनए के दो स्ट्रैंड समानांतर हैं और उनके आधार अनुक्रमों के संबंध में एक दूसरे के पूरक हैं। डीएनए अणु में इस प्रकार की व्यवस्था ने इस परिकल्पना को जन्म दिया कि डीएनए प्रतिकृति अर्ध-रूढ़िवादी है। इसका मतलब है कि डबल-स्ट्रैंडेड डीएनए अणु अलग हो जाता है और फिर, अलग-अलग स्ट्रैंड में से प्रत्येक एक नए पूरक स्ट्रैंड के संश्लेषण के लिए एक टेम्पलेट के रूप में कार्य करता है। नतीजतन, प्रत्येक डीएनए अणु में एक पैतृक स्ट्रैंड और एक नया संश्लेषित बेटी स्ट्रैंड होगा। चूंकि प्रत्येक बेटी अणु में केवल एक पैतृक स्ट्रैंड संरक्षित होता है, इसलिए इसे प्रतिकृति के अर्ध-रूढ़िवादी मोड के रूप में जाना जाता है।



प्रश्न 6.टेम्पलेट की रासायनिक प्रकृति (डीएनए या आरएनए) और उससे संश्लेषित न्यूक्लिक एसिड की प्रकृति (डीएनए या आरएनए) के आधार पर, न्यूक्लिक एसिड पोलीमरेज़ के प्रकारों की सूची बनाएं।

उत्तर: न्यूक्लिक एसिड पोलीमरेज़ दो प्रकार के होते हैं:
ए। डीएनए पर निर्भर डीएनए पोलीमरेज़
बी डीएनए पर निर्भर आरएनए पोलीमरेज़
डीएनए पर निर्भर डीएनए पोलीमरेज़ एक नए डीएनए स्ट्रैंड को संश्लेषित करने के लिए डीएनए टेम्प्लेट का उपयोग करता है और डीएनए पर निर्भर आरएनए पोलीमरेज़ एक नए आरएनए स्ट्रैंड को संश्लेषित करने के लिए डीएनए टेम्प्लेट का उपयोग करता है।

प्रश्न 7. हर्शे और चेज़ ने अपने प्रयोग में डीएनए और प्रोटीन के बीच अंतर कैसे किया, यह साबित करते हुए कि डीएनए आनुवंशिक सामग्री है?

उत्तर: हर्शे और चेज़ ने डीएनए की पहचान करने के लिए रेडियोधर्मी फास्फोरस (32P) वाले माध्यम पर कुछ बैक्टीरियोफेज विकसित किए और कुछ ने प्रोटीन की पहचान करने के लिए रेडियोधर्मी सल्फर (35S) वाले माध्यम पर। फिर इन रेडियोधर्मी-लेबल वाले चरणों को सेंट्रीफ्यूजेशन की प्रक्रिया के अधीन ई. कोलाई बैक्टीरिया को संक्रमित करने की अनुमति दी गई। इसने एक विचार दिया कि डीएनए वंशानुगत सामग्री के रूप में कार्य करता है जो बैक्टीरियोफेज से बैक्टीरिया में प्रेषित होता है। बैक्टीरियोफेज से संक्रमित बैक्टीरिया में रेडियोधर्मी प्रोटीन होते थे।

प्रश्न 8.निम्नलिखित के बीच अंतर करें:

(ए) दोहरावदार डीएनए और सैटेलाइट डीएनए

(बी) एमआरएनए और टीआरएनए

(सी) टेम्पलेट स्ट्रैंड और कोडिंग स्ट्रैंड

उत्तर: **(ए)**दोहरावदार डीएनए और उपग्रह डीएनए

दोहरावदार डीएनए	सैटेलाइट डीएनए
दोहराए जाने वाले डीएनए डीएनए अनुक्रम होते हैं जिनमें छोटे खंड होते हैं, जिन्हें कई बार दोहराया जाता है।	सैटेलाइट डीएनए डीएनए अनुक्रम होते हैं जिनमें अत्यधिक दोहराव वाला डीएनए होता है।

(बी)एमआरएनए और टीआरएनए

एमआरएनए	टीआरएनए
एमआरएनए या मैसेंजर आरएनए प्रतिलेखन की प्रक्रिया के लिए एक टेम्पलेट के रूप में कार्य करता है।	टीआरएनए या ट्रांसफर आरएनए एक एडेप्टर अणु के रूप में कार्य करता है जो पॉलीपेप्टाइड के संश्लेषण के लिए एक विशिष्ट अमीनो एसिड को एमआरएनए में ले जाता है।
यह एक रैखिक अणु है।	इसमें तिपतिया घास के पत्ते का आकार होता है।

(सी)टेम्प्लेट स्ट्रैंड और कोडिंग स्ट्रैंड

टेम्पलेट किनारा	कोडिंग स्ट्रैंड
डीएनए का टेम्प्लेट स्ट्रैंड ट्रांसक्रिप्शन के दौरान एमआरएनए के संश्लेषण के लिए एक टेम्पलेट के रूप में कार्य करता है।	कोडिंग स्ट्रैंड डीएनए का एक अनुक्रम है जिसमें एमआरएनए के समान आधार अनुक्रम होता है (थाइमिन को छोड़कर जिसे डीएनए में यूरैसिल द्वारा प्रतिस्थापित किया जाता है)।
यह 3' से 5' तक चलता है।	यह 5' से 3' तक चलता है।

प्रश्न 9.अनुवाद के दौरान राइबोसोम की दो आवश्यक भूमिकाओं की सूची बनाएं।

उत्तर: अनुवाद के दौरान राइबोसोम के महत्वपूर्ण कार्य इस प्रकार हैं।
राइबोसोम उस साइट के रूप में कार्य करता है जहां व्यक्तिगत अमीनो एसिड से प्रोटीन संश्लेषण होता है। यह दो उप-इकाइयों से मिलकर बना है।
छोटा सबयूनिट mRNA के संपर्क में आता है और एक प्रोटीन संश्लेषण कॉम्प्लेक्स बनाता है जबकि बड़ा सबयूनिट अमीनो एसिड बाइंडिंग साइट के रूप में कार्य करता है।
राइबोसोम पेप्टाइड बॉन्ड बनाने के लिए उत्प्रेरक का काम करता है। उदाहरण के लिए, बैक्टीरिया में 23s r-RNA एक राइबोजाइम के रूप में कार्य करता है।

प्रश्न 10. जिस माध्यम में ई. कोलाई बढ़ रहा था, उसमें लैक्टोज मिलाया गया, जिससे लैक ऑपेरॉन प्रेरित हुआ। फिर, माध्यम में लैक्टोज मिलाने के कुछ समय बाद लैक ऑपेरॉन क्यों बंद हो जाता है?

उत्तर: इंड्यूसर एक रसायन (सब्सट्रेट, हार्मोन या कोई अन्य मेटाबोलाइट) है जो दमनकर्ता के संपर्क में आने के बाद बाद वाले को गैर-डीएनए बाध्यकारी अवस्था में बदल देता है ताकि ऑपरेटर जीन को मुक्त किया जा सके। एस्चेरिचिया कोलाई के लैक-

ओपेरॉन के लिए उत्प्रेरक लैक्टोज है (वास्तव में एलोलैक्टोज, या लैक्टोज का मेटाबोलाइट)। आरएनए पोलीमरेज़ को प्रमोटर जीन द्वारा मान्यता प्राप्त है। यह मुक्त ऑपरेटर जीन के ऊपर से गुजरता है और फिर संरचनात्मक जीन पर mRNAs के प्रतिलेखन को उत्प्रेरित करता है। एमआरएनए साइटोप्लाज्म में गुजरता है और विशेष प्रोटीन या एंजाइम बनाता है। लैक-ओपेरॉन द्वारा उत्पादित तीन एंजाइमों में से, पर्मीज़ सेल के अंदर लैक्टोज लाने के लिए होता है। galactosidase (=lactase) लैक्टोज को दो घटकों, ग्लूकोज और गैलेक्टोज में तोड़ता है। लैक्टेज या गैलेक्टोसिडेज जैसे एंजाइम जो इसके सब्सट्रेट की उपस्थिति के जवाब में बनते हैं, अक्सर इंड्यूसिबल एंजाइम कहलाते हैं। इंड्यूसिबल ऑपेरॉन सिस्टम आमतौर पर कैटोबोलिक पाथवे में होते हैं। हालांकि, लैक-ओपेरॉन बाहरी वातावरण में लैक्टोज की उपस्थिति के बावजूद अनिश्चित काल तक सक्रिय नहीं रहेगा। यह कोशिका में ग्लूकोज और गैलेक्टोज के उनके चयापचय के लिए बैक्टीरिया की क्षमता से परे संचय के साथ अपनी गतिविधि को रोक देगा।

प्रश्न 11.निम्नलिखित के कार्य को (एक या दो पंक्तियों में) समझाइए:

(ए) प्रमोटर

(बी) टीआरएनए

(सी) एक्सॉन

उत्तर:
(ए) प्रमोटर
प्रमोटर डीएनए का एक क्षेत्र है जो प्रतिलेखन की प्रक्रिया शुरू करने में मदद करता है। यह आरएनए पोलीमरेज़ के लिए बाध्यकारी साइट के रूप में कार्य करता है।

(बी) टीआरएनए
टीआरएनए या ट्रांसफर आरएनए एक छोटा आरएनए है जो एमआरएनए पर मौजूद आनुवंशिक कोड को पढ़ता है। यह प्रोटीन के अनुवाद के दौरान राइबोसोम पर विशिष्ट अमीनो एसिड को mRNA तक ले जाता है।

(सी) एक्सॉन
एक्सॉन यूकेरियोट्स में डीएनए के कोडिंग अनुक्रम हैं जो प्रोटीन के लिए प्रतिलेखन करते हैं।

प्रश्न 12. मानव जीनोम परियोजना को मेगा प्रोजेक्ट क्यों कहा जाता है?

उत्तर: मानव जीनोम परियोजना को एक मेगा प्रोजेक्ट माना जाता था क्योंकि इसका एक विशिष्ट लक्ष्य मानव जीनोम में मौजूद प्रत्येक बेस पेयर को अनुक्रमित करना था। इसे पूरा होने में लगभग 13 साल लगे और वर्ष 2006 में इसे पूरा किया गया। यह एक बड़े पैमाने की परियोजना थी, जिसका उद्देश्य नई तकनीक विकसित करना और जीनोमिक अध्ययन के क्षेत्र में नई जानकारी उत्पन्न करना था। इसके परिणामस्वरूप, आनुवंशिकी, जैव प्रौद्योगिकी और चिकित्सा विज्ञान के क्षेत्र में कई नए क्षेत्र और रास्ते खुल गए हैं। इसने मानव जीव विज्ञान की समझ के संबंध में सुराग प्रदान किया।

प्रश्न 13.डीएनए फिंगरप्रिंटिंग क्या है? इसके अनुप्रयोग का उल्लेख कीजिए।

उत्तर: डीएनए फिंगरप्रिंटिंग किन्हीं दो व्यक्तियों के डीएनए अनुक्रम की तुलना करने का एक बहुत ही आसान और त्वरित तरीका है। इसमें डीएनए अनुक्रम में कुछ विशिष्ट क्षेत्रों में अंतर की पहचान करना शामिल है जिसे दोहराव वाले डीएनए अनुक्रम कहा जाता है। इन क्षेत्रों में, डीएनए का एक छोटा सा खंड कई बार दोहराया जाता है और वे प्रत्येक व्यक्ति के लिए विशिष्ट होते हैं।

फिंगरप्रिंटिंग की तकनीक शुरू में एलेक जेफरी द्वारा विकसित की गई थी।
डीएनए फिंगरप्रिंटिंग के अनुप्रयोग
1. व्यक्तियों की पहचान करने के लिए इसका उपयोग फोरेंसिक विज्ञान में किया जाता है।
2. इसका उपयोग पितृत्व या मातृत्व संबंधी विवादों को स्थापित करने के लिए किया जा सकता है।
3. डीएनए फ़िंगरप्रिंटिंग का उपयोग जीवों के बीच विकासवादी संबंध स्थापित करने के लिए किया जाता है।

प्रश्न 14. निम्नलिखित का संक्षेप में वर्णन करें:

(ए) प्रतिलेखन

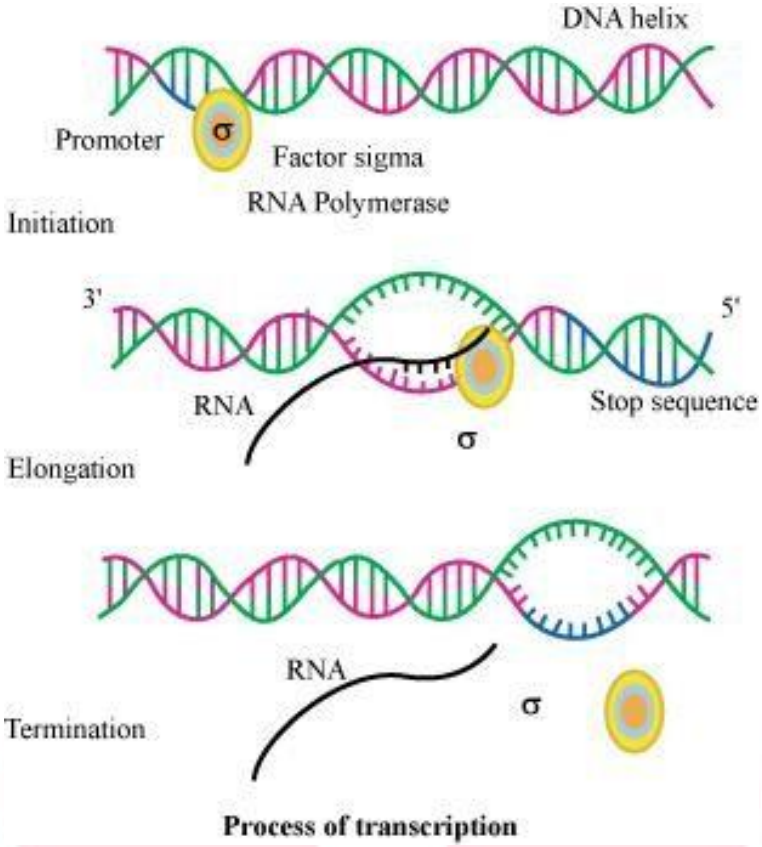
(बी) बहुरूपता

(सी) अनुवाद

(डी) जैव सूचना विज्ञान

उत्तर: (ए) प्रतिलेखन
प्रतिलेखन डीएनए टेम्पलेट से आरएनए के संश्लेषण की प्रक्रिया है। प्रक्रिया के दौरान डीएनए का एक खंड एमआरएनए में कॉपी हो जाता है। प्रतिलेखन की प्रक्रिया टेम्प्लेट डीएनए के प्रमोटर क्षेत्र में शुरू होती है और टर्मिनेटर क्षेत्र में समाप्त होती है। इन दो क्षेत्रों के बीच डीएनए के खंड को प्रतिलेखन इकाई के रूप में जाना जाता है। ट्रांसक्रिप्शन के लिए आरएनए पोलीमरेज़ एंजाइम, एक डीएनए टेम्प्लेट, चार प्रकार के राइबोन्यूक्लियोटाइड्स और कुछ कॉफ़ैक्टर्स जैसे $Mg2+$ की आवश्यकता होती है।
प्रतिलेखन की प्रक्रिया के दौरान होने वाली तीन महत्वपूर्ण घटनाएं इस प्रकार हैं।
(i) दीक्षा
(ii) बढ़ाव
(iii) समाप्ति

डीएनए पर निर्भर आरएनए पोलीमरेज़ और कुछ दीक्षा कारक (σटेम्पलेट स्ट्रैंड के प्रमोटर क्षेत्र में डबल फंसे डीएनए पर बांधें और ट्रांसक्रिप्शन की प्रक्रिया शुरू करें। आरएनए पोलीमरेज़ डीएनए के साथ चलता है और डीएनए डुप्लेक्स को दो अलग-अलग स्ट्रैंड में खोल देता है। फिर, एक स्ट्रैंड, जिसे सेंस स्ट्रैंड कहा जाता है, mRNA संश्लेषण के लिए टेम्पलेट के रूप में कार्य करता है। एंजाइम, आरएनए पोलीमरेज़, कच्चे माल के रूप में न्यूक्लियोसाइड ट्राइफॉस्फेट (डीएनटीपी) का उपयोग करता है और टेम्पलेट डीएनए पर मौजूद पूरक आधारों के अनुसार एमआरएनए बनाने के लिए उन्हें पोलीमराइज़ करता है। हेलिक्स के खुलने और पोलीन्यूक्लियोटाइड श्रृंखला के विस्तार की यह प्रक्रिया तब तक जारी रहती है जब तक कि एंजाइम टर्मिनेटर क्षेत्र तक नहीं पहुंच जाता। जैसे ही आरएनए पोलीमरेज़ टर्मिनेटर क्षेत्र में पहुंचता है, एंजाइम के साथ प्रतिलेखित नव संश्लेषित एमआरएनए जारी किया जाता है। टर्मिनेटर फैक्टर नामक एक अन्य कारक (ρ) प्रतिलेखन की समाप्ति के लिए आवश्यक है।



Process of transcription

(बी) बहुरूपता

बहुरूपता आनुवंशिक भिन्नता का एक रूप है जिसमें डीएनए अणु में एक विशेष साइट पर विशिष्ट न्यूक्लियोटाइड अनुक्रम मौजूद हो सकता है। यह आनुवंशिक उत्परिवर्तन जनसंख्या में उच्च आवृत्ति पर देखा जाता है। यह या तो दैहिक कोशिका में या रोगाणु कोशिकाओं में उत्परिवर्तन के कारण उत्पन्न होता है। जर्म सेल म्यूटेशन को माता-पिता से उनकी संतानों में प्रेषित किया जा सकता है। इसके परिणामस्वरूप जनसंख्या में विभिन्न उत्परिवर्तनों का संचय होता है, जिससे जनसंख्या में भिन्नता और बहुरूपता उत्पन्न होती है। यह एक बहुत ही महत्वपूर्ण भूमिका निभाता है विकास और विशिष्टता की प्रक्रिया में।

(सी) अनुवाद

अनुवाद एक पॉलीपेप्टाइड श्रृंखला बनाने के लिए अमीनो एसिड को पोलीमराइज़ करने की प्रक्रिया है। एमआरएनए में बेस जोड़े का ट्रिपल अनुक्रम पॉलीपेप्टाइड श्रृंखला में एमिनो एसिड के क्रम और अनुक्रम को परिभाषित करता है।

अनुवाद की प्रक्रिया में तीन चरण शामिल हैं।

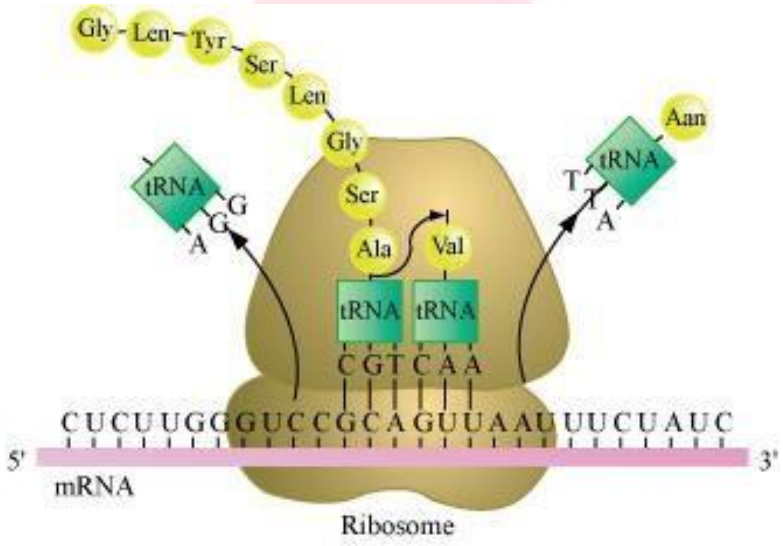
(i) दीक्षा

(ii) बढ़ाव

(iii) समाप्ति

अनुवाद की शुरुआत के दौरान, जब अमीनो एसिड एटीपी का उपयोग करके इसे बांधता है तो टीआरएनए चार्ज हो जाता है। mRNA पर मौजूद प्रारंभ (दीक्षा) कोडन (AUG) को केवल आवेशित tRNA द्वारा ही पहचाना जाता है। राइबोसोम अनुवाद की

प्रक्रिया के लिए एक वास्तविक साइट के रूप में कार्य करता है और बाद के अमीनो एसिड के लगाव के लिए एक बड़े सबयूनिट में दो अलग-अलग साइट होते हैं। राइबोसोम का छोटा सबयूनिट दीक्षा कोडन (AUG) में mRNA से जुड़ता है और उसके बाद बड़ा सबयूनिट होता है। फिर, यह अनुवाद की प्रक्रिया शुरू करता है। बढ़ाव प्रक्रिया के दौरान, राइबोसोम एक कोडन को नीचे की ओर mRNA के साथ ले जाता है ताकि दूसरे चार्ज किए गए tRNA के बंधन के लिए जगह छोड़ सके। टीआरएनए द्वारा लाया गया अमीनो एसिड पेप्टाइड बॉन्ड के माध्यम से पिछले अमीनो एसिड से जुड़ जाता है और यह प्रक्रिया जारी रहती है जिसके परिणामस्वरूप पॉलीपेप्टाइड श्रृंखला का निर्माण होता है। जब राइबोसोम एक या अधिक स्टॉप कोडन (VAA, UAG, और UGA) तक पहुँच जाता है, तो अनुवाद की प्रक्रिया समाप्त हो जाती है। पॉलीपेप्टाइड श्रृंखला निकलती है और राइबोसोम mRNA से अलग हो जाते हैं।



Translation of proteins

(डी) जैव सूचना विज्ञान

जैव सूचना विज्ञान आणविक जीव विज्ञान के क्षेत्र में कम्प्यूटेशनल और सांख्यिकीय तकनीकों का अनुप्रयोग है। यह जैविक डेटा के प्रबंधन और विश्लेषण से उत्पन्न होने वाली व्यावहारिक समस्याओं को हल करता है। मानव जीनोम परियोजना (HGP) के पूरा होने के बाद जैव सूचना विज्ञान के क्षेत्र का विकास हुआ। यह है क्योंकि एचजीपी की प्रक्रिया के दौरान भारी मात्रा में डेटा उत्पन्न किया गया है जिसे विभिन्न वैज्ञानिकों द्वारा भविष्य में उपयोग के लिए आसान पहुंच और व्याख्या के लिए प्रबंधित और संग्रहीत किया जाना है। इसलिए, जैव सूचना विज्ञान में जैविक डेटाबेस का निर्माण शामिल है जो जीव विज्ञान की विशाल जानकारी को संग्रहीत करता है।

यह सूचना तक आसान और कुशल पहुंच और इसके उपयोग के लिए कुछ उपकरण विकसित करता है। जैव सूचना विज्ञान ने डेटा के बीच संबंध का पता लगाने, प्रोटीन संरचना और उनके कार्यों की भविष्यवाणी करने और प्रोटीन अनुक्रमों को उनके संबंधित परिवारों में क्लस्टर करने के लिए नए एल्गोरिदम और सांख्यिकीय तरीके विकसित किए हैं।