



Second Semester Examination
2022/2023 Academic Session

July/August 2023

**BME402 – Microbial Genomic
(*Genomik Mikrob*)**

Duration: 2 hours
(Masa: 2 jam)

Please ensure that this examination paper contains **FOUR** (4) printed pages before you begin the examination.

*[Sila pastikan bahawa kertas peperiksaan ini mengandungi **EMPAT** (4) muka surat yang bercetak sebelum anda memulakan peperiksaan ini.]*

Instructions: Answer **FOUR (4)** out of **FIVE (5)** questions, in English or Bahasa Malaysia. Each question carries 25 marks.

Arahan: Jawab **EMPAT (4)** daripada **LIMA (5)** soalan yang diberikan dalam Bahasa Inggeris atau Bahasa Malaysia. Tiap-tiap soalan bernilai 25 markah.]

In the event of any discrepancies, the English version shall be used.

[Sekiranya terdapat sebarang percanggahan pada soalan peperiksaan, versi Bahasa Inggeris hendaklah diguna pakai].

1. [a] Explain the workflow involved in DNA library preparation for next generation sequencing.
[Terangkan aliran kerja yang terlibat dalam penyediaan perpustakaan DNA untuk penjujukan generasi hadapan.]

(10 marks / 10 markah)

- [b] A researcher discovers a new bacteria species with no reference genome available. He extracted and sequenced the genomic DNA of the bacteria. Determine the correct assembly method that he can use to assemble the sequenced DNA and outline the levels of assembly involved in developing a complete genome of the bacteria.
[Seorang penyelidik menemui spesies bakteria baharu yang tidak mempunyai genom rujukan. Dia mengekstrak dan melakukan penjujukan genom DNA bakteria tersebut. Tentukan kaedah penggabunganjalinan yang betul yang dia boleh gunakan untuk menggabungkanjalinan jujukan DNA dan rangkakan tahap penggabunganjalinan yang terlibat dalam membangunkan genom lengkap bakteria tersebut.]

(15 marks / 15 markah)

2. [a] Describe the reagent requirements and the sequencing process in Sanger sequencing technology.
[Huraikan keperluan reagen dan proses penjujukan dalam teknologi penjujukan Sanger.]

(10 marks / 10 markah)

- [b] Analyse the essential differences between hierarchical shotgun sequencing and whole genome sequencing.
[Berikan analisis perbezaan penting di antara hierarki penjujukan pecah selerak dan penjujukan genom penuh.]

(15 marks / 15 markah)

...3/-

3. [a] Give **FIVE (5)** examples application of pathogen genomics in the field of infectious diseases.
*[Berikan **LIMA (5)** contoh aplikasi genomik patogen dalam bidang penyakit berjangkit.]*

(10 marks / 10 markah)

- [b] You just sequenced the whole genome of a novel bacterium, and the results are assembled, trimmed and provided in FASTA format. Analyse **FOUR (4)** databases that you could use to identify the potential bacterium.
*[Anda baru sahaja menjukkan keseluruhan genom bakteria novel. Keputusannya telah digabungjaln, dirapikan dan disediakan dalam bentuk fail FASTA. Berikan analisis **EMPAT (4)** pangkalan data yang boleh anda gunakan untuk mengenal pasti potensi bakteria tersebut.]*

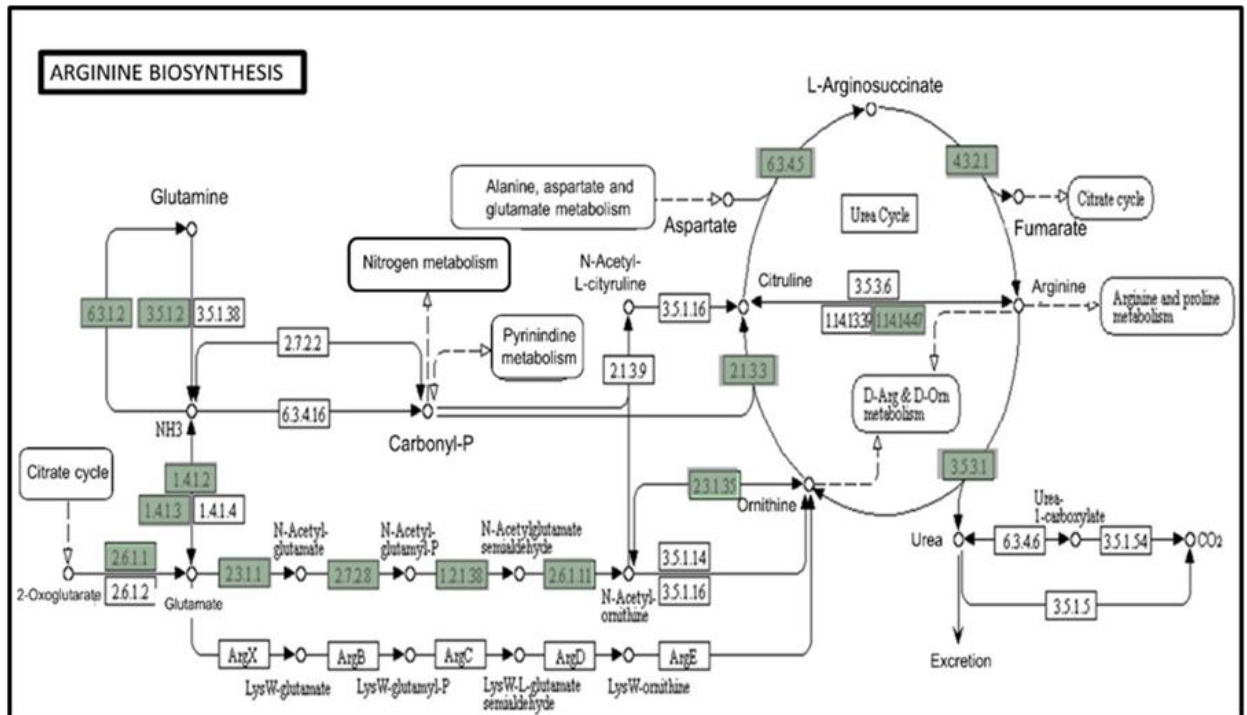
(15 marks / 15 markah)

4. [a] Compare advantages and disadvantages of Reference RNA-seq analyses and De-novo RNA-seq analyses?
[Bandingkan kelebihan dan kekurangan analisis Rujukan RNA-seq dan analisis De novo RNA-seq.]

(10 marks / 10 markah)

- [b] Analyse the meaning of numbered grey and white box in this pathway (Figure 1), what data can be obtained from the pathway and distinguish the ability of the organism in producing arginine and proline.

[Berikan analisis maksud kotak bernombor berwarna kelabu dan putih dalam kitaran ini, maklumat yang boleh diperolehi dari kitaran ini dan kenalpasti kebolehan organisma ini dalam menghasilkan arginina dan prolina.]



(15 marks / 15 markah)

5. [a] Compare and contrast orthologs and paralogs in terms of their definition, sequence identity, function, evolutionary history, and examples.
[Banding dan bezakan ortolog dan paralog dari segi definisi, identiti jujukan, fungsi, sejarah evolusi dan contoh mereka.]

(10 marks / 10 markah)

- [b] Outline the potentials of metagenomics in advancing knowledge in a wide variety of fields.
[Rangkakan potensi metagenomik untuk memajukan ilmu pengetahuan dalam pelbagai bidang.]

(15 marks / 15 markah)