



Second Semester Examination
2023/2024 Academic Session

July/August 2024

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

Duration : 2 hours
(Masa : 2 jam)

Please check that this examination paper consists of FIVE (5) pages of printed material before you begin the examination.

[Sila pastikan bahawa kertas peperiksaan ini mengandungi LIMA (5) 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, menggunakan Bahasa Inggeris atau Bahasa Malaysia. Setiap 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 digunapakai.]

...2/-

1. [a] Describe the process of repairing fragmented DNA in DNA library preparation.
[Huraikan proses pembaikan DNA terserpih dalam penyediaan perpustakaan DNA.]
- (10 marks / 10 markah)
- [b] Analyse the differences between the first, second and third generation sequencing technologies in terms of sequencing methods, principles and reagent requirements with **ONE (1)** example for each generation.
*[Berikan analisis perbezaan antara teknologi penjujukan generasi pertama, kedua dan ketiga dari segi kaedah penjujukan, prinsip dan keperluan reagen dengan menggunakan **SATU (1)** contoh untuk setiap generasi.]*
- (15 marks / 15 markah)
2. [a] Explain the meaning of virulence factors and give **FOUR (4)** examples of virulence databases that can be used to predict virulence factors of a newly sequenced genome.
*[Terangkan maksud faktor virulensi dan berikan **EMPAT (4)** contoh pangkalan data virulensi yang boleh digunakan untuk meramalkan faktor virulensi bagi jujukan genom baharu.]*
- (10 marks / 10 markah)
- [b] Differentiate between draft and complete genomes. Identify **TWO (2)** types of genome assembly by including the methods and the respective advantages and disadvantages.
*[Bezakan antara draf dan genom lengkap. Kenal pasti **DUA (2)** jenis penggabunganjalinan genom dengan memasukkan kaedah penggabunganjalinan dan kelebihan dan kekurangan masing-masing.]*
- (15 marks / 15 markah)

- 3 -

3. [a] Explain the genome mapping method used in structural genomics.
[Terangkan kaedah pemetaan genom yang digunakan dalam genomik struktur.]

(10 marks / 10 markah)

- [b] A researcher wants to know the potential microorganisms infecting the bloodstream of children with suspected sepsis. The culture method gave limited information about the microorganisms hence, the researcher decided to perform DNA sequencing. Determine **TWO (2)** most appropriate sequencing strategies to identify the potential microorganisms and outline the workflow involved.
*[Seorang penyelidik ingin mengetahui mikroorganisma yang berpotensi menjangkiti aliran darah kanak-kanak yang disyaki sepsis. Kaedah kultur memberikan maklumat terhad tentang mikroorganisma, oleh sebab itu penyelidik memutuskan untuk melakukan penjujukan DNA. Tentukan **DUA (2)** strategi penjujukan yang paling sesuai untuk mengenal pasti mikroorganisma yang berpotensi dan rangkakan aliran kerja yang terlibat.]*

(15 marks / 15 markah)

4. [a] Discuss the advantages of pathway analysis in microbial genomics.
[Bincangkan kelebihan analisis laluan dalam genomik mikrob.]

(10 marks / 10 markah)

...4/-

- [b] Figure 1 shows part of the seleno compound metabolism pathway in *Pseudomonas aeruginosa* PA01. Based on this figure, analyse the data presented in the pathway, determine the meaning of the numbered grey and white boxes and investigate the interaction of *Pseudomonas aeruginosa* PA01 within this pathway.
 [Rajah 1 menunjukkan sebahagian laluan metabolisme sebatian seleno dalam *Pseudomonas aeruginosa* PA01. Berdasarkan rajah ini, berikan analisis data yang dibentangkan, tentukan maksud kotak bernombor berwarna kelabu dan putih serta siasat interaksi *Pseudomonas aeruginosa* PA01 dalam laluan ini.]

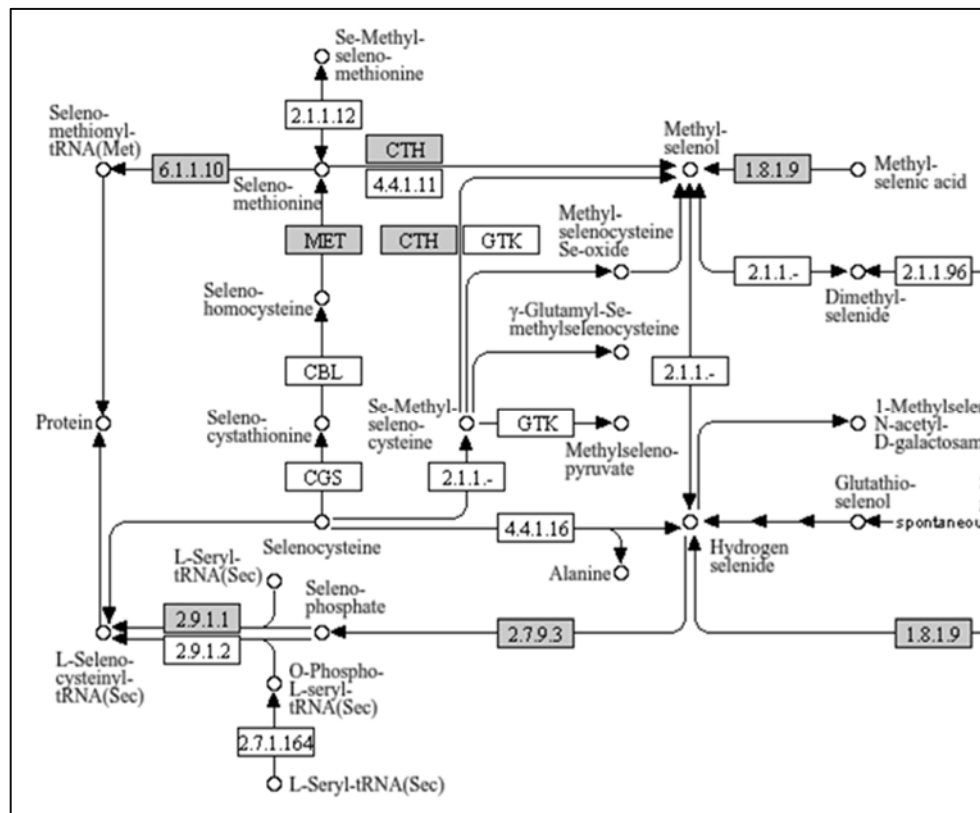


Figure 1
 [Rajah 1]

(15 marks / 15 markah)

...5/-

- 5 -

5. [a] The preparation of a sequencing library from RNA is similar to the workflow for genomic DNA samples. Outline the RNA-seq library preparation workflow.

[Penyediaan perpustakaan penjujukan daripada RNA adalah serupa dengan aliran kerja untuk sampel DNA genomik. Rangkakan aliran kerja penyediaan perpustakaan RNA-seq.]

(10 marks / 10 markah)

- [b] List the problems in identifying orthologs from comparative genomics perspective.

[Senaraikan masalah dalam mengenal pasti ortolog daripada perspektif genomik perbandingan.]

(15 marks / 15 markah)

- oooOooo -