



Second Semester Examination
2024/2025 Academic Session

July/August 2025

BME402 – Microbial Genomics
[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].

Should any candidate be caught cheating or in possession of materials not authorised to be brought into the Examination Hall during the examination, appropriate disciplinary action will be taken against the candidate concerned. In the event a candidate is found guilty of cheating, he/she can be expelled from the University.

[Sekiranya seseorang calon didapati meniru/menipu ataupun mempunyai bahan-bahan yang tidak dibenarkan dibawa ke dalam Dewan Peperiksaan semasa peperiksaan diadakan, tindakan disiplin yang sewajarnya akan dikenakan terhadap calon berkenaan. Jika seseorang calon didapati bersalah meniru/menipu beliau boleh disingkir dari Universiti.]

- 2 -

1. [a] Compare and contrast the Sanger sequencing and Illumina sequencing.
[Bandingkan dan bezakan jujukan Sanger dan jujukan Illumina.] ✓

(10 marks / 10 markah)

- [b] A patient is diagnosed with leptospirosis. As a researcher, you are interested to know if the *Leptospira* infecting the patients is a novel species.
[Seorang pesakit didiagnos menghidap leptospirosis. Sebagai penyelidik, anda berminat untuk mengetahui sama ada Leptospira yang menjangkiti pesakit adalah spesies novel.]

- [i] Determine a suitable DNA sequencing approach that you can use to identify the *Leptospira* species.
[Tentukan suatu pendekatan penjujukan DNA yang sesuai yang anda boleh gunakan untuk mengenal pasti spesies Leptospira tersebut.] ✓

(3 marks / 3 markah)

- [ii] By using **ONE (1)** sequencing platform, outline the workflow, reagents and principles involved in sequencing the genome of the *Leptospira*.
[Dengan menggunakan **SATU (1)** platform penjujukan, rangkakan aliran kerja, reagen dan prinsip yang terlibat dalam penjujukan genom Leptospira tersebut.] ✓

(12 marks / 12 markah)

...3/-

- 3 -

2. [a] Compare the utility of metagenomics and targeted sequencing in identifying emerging pathogens in clinical samples.
[Bandingkan kegunaan metagenomik dan penjujukan sasaran dalam mengenal pasti patogen yang baharu dalam sampel klinikal.]

(10 marks / 10 markah)

- [b] Identify the limitations of short-read sequencing for genome assembly, and analyse how these limitations can be addressed using long-read sequencing technologies.
[Kenal pasti batasan penjujukan bacaan pendek untuk himpunan genom, dan berikan analisis bagaimana batasan ini boleh ditangani menggunakan teknologi penjujukan bacaan panjang.]

(15 marks / 15 markah)

3. [a] Explain the concept of expressed sequence tags (ESTs) and their significance in genomic research.
[Terangkan konsep tag urutan terekspres (ESTs) dan kepentingan mereka dalam penyelidikan genomik.]

(10 marks / 10 markah)

- [b] Outline the steps in comparative genomics to identify genes associated with pathogenicity among closely related microbial species.
[Rangkakan langkah dalam perbandingan genomik untuk mengenal pasti gen yang dikaitkan dengan kepatogenan dalam kalangan spesies mikrob yang berkait rapat.]

(15 marks / 15 markah)

...4/-

- 4 -

4. [a] Discuss the best practices for Hidden Markov Models (HMMs) in biological sequence analysis.
[Bincangkan amalan terbaik untuk Model Markov Tersembunyi (HMMs) dalam analisis jujukan biologi.]

(10 marks / 10 markah)

- [b] List the main challenges in validation of gene expression studies.
[Senaraikan cabaran utama dalam pengesahan kajian pengekspresan gen.]

(15 marks / 15 markah)

5. [a] Discuss **THREE (3)** key factors of how single-cell sequencing technology analyses cellular heterogeneity at high resolution.
*[Bincangkan **TIGA (3)** faktor utama bagaimana teknologi penjujukan sel tunggal menganalisis keheterogenan sel pada resolusi tinggi.]*

(10 marks / 10 markah)

- [b] Analyse the strengths and limitations of **TWO (2)** computational methods that are used to identify orthologs and paralogs in genomic data.
*[Berikan analisis kekuatan dan keterbatasan **DUA (2)** kaedah pengkomputeran yang digunakan untuk mengenal pasti ortolog dan paralog dalam data genomik.]*

(15 marks / 15 markah)

- oooOooo -